



**PCT**  
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b>  C12N 15/00	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> WO 99/53040  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 21. Oktober 1999 (21.10.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01087 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 7. April 1999 (07.04.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 17 557.4      9. April 1998 (09.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGeweBE  <b>(57) Abstract</b>  The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.  <b>(57) Zusammenfassung</b>  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BG	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BH	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		



### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu  
15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heteröloger Teil die auf den  
35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense  
45 Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

- 40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Genthherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

- 45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-  
10 Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone  
15 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## 20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- Nukleinsäuren  $\hat{=}$  Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- 25 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- 30 Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 35 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- 40 X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## 45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

**5 Erklärung der Abbildungen**

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- 15 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

25

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

30

Das Ergebnis ist wie folgt:

#### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust 0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
40	Duennndarm 0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe 0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal 0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn 0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
45	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz 0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
50	Lunge 0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
55	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000



	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
35	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
40	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Uterus_n	0.0083			

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
15	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
20	Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
	Hoden	0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
25	Lunge	0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
30	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
40	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
45	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0626			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
50	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0126			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			

	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
5	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
10	Uterus_n	0.0000

### 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
30	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
55		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			

Placenta 0.0000  
 Prostata 0.0000  
 Sinnesorgane 0.0000

5

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

Brust 0.0136  
 Eierstock\_n 0.0000  
 Eierstock\_t 0.1418  
 Endokrines\_Gewebe 0.0000  
 Foetal 0.0047  
 Gastrointestinal 0.0244  
 Haematopoetisch 0.0000  
 Haut-Muskel 0.0000  
 Hoden 0.0154  
 Lunge 0.0000  
 Nerven 0.0000  
 Prostata 0.0137  
 Sinnesorgane 0.0000  
 Uterus\_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

## FOETUS

## %Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000  
 Gastrointestinal 0.0083  
 Gehirn 0.0125  
 Haematopoetisch 0.0157  
 Haut 0.0000  
 Hepatisch 0.0000

65

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
5	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haefufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haefufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
65	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278		
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389		
	Duendarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526		
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995		
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef		
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122		
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0890					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0167					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duenn darm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
15	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
20	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0626			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0650			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0130	0.0000	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0235	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0260	0.0000	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
40	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
60	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
70	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
75	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102		1.1441	0.8741
	Brust	0.0090		0.0263		0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0170		0.0050		3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0172		0.0046		3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081		0.0216		0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
	Herz	0.0117		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0083		0.0020		4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
	Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0017		0.0110		0.1496	6.6857
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0131		0.0021		6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
45	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
55	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0065
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duennndarm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
	Gehirn	0.1189			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef		
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef		
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054		
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448		
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef		
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135		
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.2721					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0354					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.2685					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0097					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duennndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duennndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
15	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenn darm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.2302			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1632			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duendarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1084			
65	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duennndarm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
60	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0416			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
15	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
20	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
35	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
45	Gehirn	0.0500			
	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0628			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.1220			
70	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
75	Nerven	0.0502			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0341			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0051		0.0395		0.1296	7.7146
	Duennndarm	0.0092		0.0165		0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030		0.0312		0.0959	10.4234
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0050		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0139		0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081		0.0113		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0020		3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0077		1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0120		0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.1066		0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044		0.0043		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0087					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0333					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duendarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0115		0.0132		0.8750	1.1429
	Duenn darm	0.0337		0.0496		0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030		0.0390		0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0251		0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747		0.0879		0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0194		0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0351		0.0000	undef
	Lunge	0.0042		0.0143		0.2903	3.4446
	Magen-Speiseroehre	0.0483		0.0077		6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0163		0.0137		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231		0.0166		1.3960	0.7163
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0188					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duennndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1381			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.0056	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0130	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0093	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.0021	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0234	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	0.0020	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017	0.0017	0.0017	0.0017	0.0017	0.0017
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028	0.0028	0.0028	0.0028	0.0028	0.0028
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0051	0.0051	0.0051	0.0051	0.0051	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0735	0.0735	0.0735	0.0735	0.0735	0.0735
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057	0.0057	0.0057	0.0057	0.0057	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0010	0.0010	0.0010	0.0010	0.0010	0.0010
	Prostata	0.0068	0.0068	0.0068	0.0068	0.0068	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0083	0.0083	0.0083	0.0083	0.0083	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0090		0.0056		1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0025		2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015		0.0041		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0060		1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0064		0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
45	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0424					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
60	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0134					
65	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0042					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
35	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseröhre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0876			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1130			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0402			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duennndarm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0408			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duendarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
50	Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389		
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991		
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470		
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duendarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duenn darm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
20	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
25	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
35	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0466			
	Gastrointestinal	0.0610			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1474			
75	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
		Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075	4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801	0.6756
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234	0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5666	1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206	0.9799
20	Niere	0.0157	0.0145	1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0069			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037	0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907	0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466	0.9555
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539	3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091	0.0412	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050	0.9049
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0384	0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537	0.0289	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109	1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498	1.0528
	Duennndarm	0.0247	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354	4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0128	2.8338	0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895	1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duendarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499	1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934	0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504	0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0426	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0246	0.0145	1.7022	0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066	3.2617		
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112	1.4061		
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524	0.7985		
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909		
	Duendarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000		
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219		
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938	2.0250		
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408	0.5745		
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347		
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928	0.2947		
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893	1.2669		
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0320	0.2267	4.4110		
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000		
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540		
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427		
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627	1.7770		
	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453	1.1830		
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836	5.4469		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029	4.9287		
	Haematopoetisch	0.0107					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0141					
	Sinnesorgane	0.0235					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
35	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
40	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0220					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0421					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0211					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0248					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0232					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361		
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130		
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068	0.2852		
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208	1.3873		
	Duendarm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750		
10	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889	2.5717		
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036	1.6568		
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961	0.5896		
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef		
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538	0.6047		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000		
20	Niere	0.0134	0.0193	0.6964	1.4360		
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573	1.0446		
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821		
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086	1.6431		
	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353	7.3931		
	Haematopoetisch	0.0053					
	Penis	0.0161					
	Samenblase	0.0141					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0121
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits  
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

10

#### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,  
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer  
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView" -Programms der Genome Database (GDB),  
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap  
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der  
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone  
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,  
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit  
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek  
 10 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)  
 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer  
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA  
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die  
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der  
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse  
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit  
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.  
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen  
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.  
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11				
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542,2540,2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariummorgewebe überexprimiert	P52rIPK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariummorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-olo-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH;SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13 - q13.2	AFMb018wh1



Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWP		
38	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	sISG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDA16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21-p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	sISG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429
52	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganische pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>B. taurus</i> mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des <i>R. norvegicus</i> intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581;D10S210
58	in Ovariumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089;;Cda01g10; D16S419-D16S415

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tetrairicopeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredo	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131;; stSG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477;; WI-14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; WI-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-8969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7lm_1; G_PROTEIN_RECEPTOR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTi;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602;WI-2775;WI-7265)
108	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archael_histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Icn protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BIP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;;WI-30446
115	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-GI	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	in Ovariumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovariumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA_DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-  
5 307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.



**Sequenzprotokoll****(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:  
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
(C) STADT: Berlin  
(E) LAND: Deutschland  
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195  
(G) TELEFON: (030)-8413 1673  
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15
- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Ovartumorgewebe
- 20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284
- (iv) COMPUTER READABLE FORM:  
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk  
(B) COMPUTER: IBM PC compatible  
25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
45 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
tatgggtagg tccggttttc caacttgga aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
ataaaatttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
5 ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
ttttaaatat tggacatact gggtttaata cctgctttgc atattcacac atggccaact 360
gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaaacta actatatgta 420
ttttaactta gttttaatat ttccattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
agctgttata tataatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10 aaagcacatt tggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattaggtt caaattataa 600
ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtctt gagtttccca ttttaaaatc 660
taaaactagac atcttaattg gtgaaagtgt tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15 catttgggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgtaagg1020
ttggaacagc agcactatac atgaaatata aacaaaaaac ctttactgtt tctaaatttc1080
ctagattgct attatttggg tgaagtgtga gtattccaca gaaagtggta attatctctt1140
20 ctctcttctc ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca1200
cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc1260
tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc1320
acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttaa aaatattggal380
catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattgggtt tcacataata ttctaaaaga1440
25 aacttttatg ttataagagt tacttttttg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
ttctgacatt tttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaacttg tgctggtgtt1560
ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgacccattg1680
ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct1740
30 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tcgtgagaga1860
caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagtgg1920
tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgccctcctag ttcactttgt gtcaagagct1980
aaaactgtga acctaaactt ctcttatttg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt2040
35 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
gtttcttggt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataa2340
40 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 798 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtctt tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagacc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgtatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcaactgta gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttggt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

attccaaaca tggcggtcc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cgggtccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaaagt tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccg cgcacatccct480

```

cagggtcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaaca tccctgcacc tctgaagcca540  
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga gggtggccac600  
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660  
 ttagttttat gctcccatgt aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720  
 5 gtactttata acatgtctgt agcttggata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttca780  
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt840  
 ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60  
 ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aacccagcg aagaagagg 120  
 35 tgaagggcaa gatgaggaca tttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180  
 cctaaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240  
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctt ctttactcca gataactttc aggcactgct 300  
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360  
 taacacgttg ttttjtcaa aaacacagca gaggcagatg ctgagatct gtgagagctg 420  
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagtga agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480  
 cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540  
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg tggagaagtgg ggattaaata tggagtattg 600  
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660  
 tctgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720  
 45 tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttcc gtgccttaaa 780  
 tatgtggttg gcaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840  
 ggaagtgtgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaac 900  
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaaagaa gggttaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960  
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcacttgt1020  
 50 tttatgttta gatggataa atagtgcac aaatattaga tggaataact atatagctgg1080  
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt1140  
 tcttaaaaat gtcttatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc1200  
 tgatgtcttc ttgctggccg gtacgttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga1260  
 tggaaaatat tgaagttaa catgaatttt gggttgagga agccacaaat ttggcaacca1320  
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttg1380  
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaacct aagtgtccca acagtggagc1440  
 acattattca ggaacttaaa gatataattct cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct1500

```

5  tatctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
   ctgacatgta tagaagtgc ttaccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
   ggagaatcaa atggaaacac agggggaaa atagatagct tccgtccacc atctatgaag1680
   ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggtcctgt1740
10 gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
   aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca1860
   taaattttga tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata1920
   caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
   ttaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
15 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
   atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
   ccagaagaga acgttgaaa tgccatgttt ccttttgcgt gatctctgtt gatggcactc2220
   tggaaattgtt tcagttaagt cattttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
   ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
20 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
   agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
   tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga acaaatgac2520
   aaagtgtgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
   tggagcctac atcttcctaa gctttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
25 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
   ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaac ctggaaaacc2760
   tacaaaataa gtgtgtgtgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
   tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880
   aaaaaaaaa aaaaaaaaa a
   2901

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

50 aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
   acaacatgac cggaagatt tcctaattc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
   ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagt ctccaaagtc180
   cagcatggta gacatcagtg gtggtaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgcctccc caccagaaag tccttgttcc300
   agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgtaa360

```

```

aaatatagac agagtagtcc ctggccttct cctcttgag gaaggatgga ttctccatt420
ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
aattagcttt gtatgttatt aatgtgtct cgtcaatgc 579

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

```

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg tttctcact cttctttttt tccttctttt 60
atccctcact cctcccccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaaac tttttaggaa aaatatccag 180
attattcacc cacttttttt agtatctact aacaactcct tttttctctt agagagttat 240
gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttggt ttatcagcag 300
ctggagcaga agttgaaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
gcttggttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggg gaaagtcact gaaacactca 420
aggcaaatga ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
cccattggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatttga 540
40 ctcaaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgttg acaagttgac 600
atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgctct 660
gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
tgtatgaaat ttttatttat atcagtgtct ttaataatga agatattttt ggagtaatgg 780
tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcac ttgctttttt 840
45 tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
attaaaaatca tttgaatatg tatgtctgtg tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020
ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat ttctgagttt cagttcagat tgtagatgac1080
aatataagct gccctccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtccattt tccccatggall140
50 agaagcccgt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200
tatttttctt attaatgtgt tgcccttagga atgatgaatt acattttttg ttccttctta1260
ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgatg gttgtttctt tataaatggt1320
tgagctgtct atgcaggtat tgccaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380
gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattcal1440
55 acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtatata taattgggtga1500
gacaaatatt cactttattt atattttata tattttttt ttaatttggt aaatactatc1560
cagttttgta gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

```

5  gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgattttaa1680
   tttagtgtca gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
   gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
   atcaataaaa ataaacattt tggtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
10 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
   cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tggtgaagaa caaagaaaga1980
   ttcattgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
   aaattatcct gggcaagggg aagtcagggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
   attaaattgc aaactctgaa cttttttacaa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
15 tcatgttgaa gtggtttttt gtttttggtt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
   ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt tttttttttt ttttttcctt2280
   ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
   ctgtttggat tctatattag tggctctgag aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
   ggtctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
20 ataatgctgg ttttgctgac tttttgtttt tttatatatt tataaaaaaa gaaaaagt2520
   gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tgttaaacca2580
   gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgataca ggtaaggaaa cagttggtca2640
   actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
   attgacaaaa tcaaacacagc attccccatt gtgtaaataa atgattttgc tgaataaagt2760
   aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:
- 45 agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tcctcgtcat ggaaagggtgc 60  
 caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgagg120  
 cttttgtatt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttgagg180  
 gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240  
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300  
 tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360  
 gaggaaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420  
 ctttggtttt cctagctcca taccacacac ctaaacctgt attatgaatt acatattaca480  
 aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540  
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600  
 aaattgggtt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660  
 tacaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720

gacttgtagg ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780  
tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttgggttta aaatctggta actccatgat840  
gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900  
aaaaaaaaaa 910

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

30 gcgacggcgg cttagaaaagt gcttctctgga gcgcagacga ggcatgaat catgtgacgg 60  
tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120  
cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180  
gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggt ccatgccatt 240  
gttggtgacg atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300  
35 catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360  
cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc ttttactata acacctacca ggtgggtcaa 420  
tttaatcggt tacctttggg ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480  
attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttggttgaag aactgagaca agttgtggaa 540  
gtttcttaat ctgacagtgg ttacagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600  
40 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggtccc 660  
tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa ttatagata gatcagttgc 720  
tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780  
ttcagttctat cacagctccc atggagttag tctgggtcacc agatatggat gagagattct 840  
attcagtgga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcaa 900  
45 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960  
gacatatttt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtggaggaa cataaaatgg1020  
cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080  
agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggtgctgc tctttaatgall140  
aaatgaaaat tatagctaatt gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagttg1200  
50 ttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260  
tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320  
agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat ttttttggtc agactttttc1380  
caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440  
ttgtaaa 1447

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:



- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:
- ```

25 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgtg 60
   aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
   aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
   gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
   cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggac atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
   atcctacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaagc tcggcagaac360
30 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
   gccccgtccc ctgatgttg gtctggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
   gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
   ccagagggcg catgaagccc aggcgtgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
   ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
35 aaaagtcgac c                                     671
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 803 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaatattg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaaagt tcgatggact120
10 ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaaaaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tggggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtggatgc catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgcca ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgggtgatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaag ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaaag aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcagcggg ggagcggcgc tgcctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120
70 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacgggtcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgcagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
atggaccaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tgggggtgaag540

```

```

tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtgga tgtagcacia tttccacact600
gtgaaggcag tattagaaga cttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
ctaagtaaaa agcctgggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
5 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:**

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:**

```

30 ttggtttccg ggcaccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
tggtattacc gtgtgggggtt tcgttttttt cgtgggtggtt tatattgattt tgattttttt120
ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
tagtgcttag ggtaattttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggtattg aacaaaataa tatgtatttt360
gatttactta aagtgccttg aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
tggaaccgg acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
40 cttgtctaatt tc 552

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:**

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

g c g g t a t t a a t a t t t a a t t t a t t t t t t t t a c t t a t a g g t c a t g t t g a t g t c t a t g a t a a a 60  
c a g a t g t t t t g c c t c t g a c a g c a g a a c t t c c t t c a t t t t t c t c a t t c g t t t t c t t t g g t 120  
15 g g g t t c a t t t t t t g a a t c a a c c a c a c t t c a t t a t t t t c t a t t a a g c a a t t g a c a g g a c t 180  
g t t g t a g c c t g c a g t g t a g t a a a c c t t c t c a t c g a a a a c t t t c c a t c t t c c c t a a a a t 240  
g c t t g c t a a t g t c a a a a g t t g t t c t t g a t t c t t t t g g g c a c t a g a a a a t c a t c g a a a g a 300  
c c g t a c a a a c a c a g t c a t t t c g g c t c t a t c t t c a a t g a a g a c a t c t g a c t c t a a a g g c c t 360  
g g g t g g a t c a a a t t g c t g t t c a g a g g g a a t a c a g g g a a a t g g t a a t g g t a g a c t c a c t 420  
20 a a a a g g a c c t g a a c c a g g c t c c a c g t a g c t t g t c a c t g g a g c t g t c a t c t t t a t t t t c a t 480  
c t c t t t c t c g t t t t t g c c t t g a a t g t a g c t g t t c a g t t t c g t a a a g c c c g t c t g g a t g g c 540  
t g a a t c c c a g t c c a t a g a c t c c a c g g a c g t g c t g a c c c a c t t g g c t g g t c a t a g t g t c g 600  
g a t c t c a t a a c t t c c g g g c t g g g g g c c g g c g t c c c g g c c t c c a g c c g g c g t c t c 660  
c a c a g c t t g g g c c g c c g c g t c c t c g g c c g c c c g g g g t c t g g c t g g a g c g t c g g c c a t 720  
25 g g g c g g c g t g a c g c t c t g g g a g c c t g g t c a g c c g c g a g a g g c c c g c a c c c g g g c c g c 780  
c c c g c c t g c g t g t g c g c g c c c c g c c g a g g c c c g a g t c c c c c t c c g a g a c c c g g t c c c t 840  
c c t c c c g g c c g g g c t g g a g a c c c g a g c c c a c c c g a t g c g t c t g c c t c t g g a c c g c g a g g g 900  
g g c g c c g c c a c c a a g g c g g g g c c g g c t c a c g a c c c c g g a c a g c t c c g g c c g g a g t t g c g c 960  
g t c c t g c c c c c g c c c c c c c c g c g g c g a c a g g a g g a g 993

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaatcct ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaatgtgc aatgtgtcaa gtagcttgtt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
5 ccatgtgata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa tttaactttt cttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatTTTTT tcccctcca agtttgtaac actcccctc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctgtctt aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctcta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctagctgtta atgcactgtt gacctcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt ggggtgtcga tacaggggtg tgggcgatgc 840
15 atgcttttatt aaggctcttg ttccacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtatttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtg taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaataatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacal140
20 gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaa tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttggg aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
attcttgtgt atgtatatat gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tatttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tttttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca1440
25 taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaattg gcaggctctg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcgacacac1620
ctaagggttt gatattgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta1740
30 gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt cccgaattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatatacal1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactgggtt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatttcggt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
35 acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaagg t aagcaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggatacttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaaattct300
acttgaact atagaagtga attgtggacg taaaatggtt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaaata420
aaatattcct tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caactttgtga ttctgatag aacagacttt acttttctag ccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgccctt taaaagtgtt tatgtggtt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttggaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggagggggag aagaga                                     986

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaaat 60
50 ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca tttttttggt tactcttc240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaagcg360
55 tcacccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacggtatga tacctaaaaa420

```

gaaaaaagag ttaatcacct ctcttgata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480  
 ctaaattgat aattgccttt ctatgctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

30 tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60  
 ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120  
 gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180  
 ggctggaaag gtggttgggt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcata gctatgcata 240  
 acagatgagc ttgaaagctg cagagttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300  
 agccagtcac gatatttatt taatttgtgg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360  
 aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tggtttttgc 420  
 ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagtctctgac acatctctcc agtctgcggg 480  
 tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540  
 tttgcctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600  
 aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660  
 acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaatata ggcttgtttt 720  
 40 ccttctttct atctgtgttc gtgggatggg atcttcagtg aagtctttcc tggttggtga 780  
 gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840  
 ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggtat cctcatactt 900  
 ctctgtgtgt tctgagtcct tggctgaaca aaatttgttt atgatgccag aagttttttg 960  
 ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt1020  
 45 ttcttctactg gtcacactga gggctctcacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt1080  
 tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140  
 agattctctt ttgctatcac tttgaacaaa acctgaacag ctcttctctac atcctttttt1200  
 agttttctta attggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttggggt ttctaacctt1260  
 tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc tcttttcaaa agcaaatgag tggaaagtaa1320  
 50 gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380  
 ctttttgcac ttgcttcggg tcctgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggttttgtag1440  
 atgggatgtc agggctgcca tgctcgagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500  
 aagtacagta aaatcaaaat cttctggcct aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560  
 attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgg gggctagaaa atgatattaa1620  
 55 aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat1680  
 ttctaattaa tttccaaatg ttgcataggt tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740

taaatggcac ttttaaatgg ttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60  
aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120  
30 aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc180  
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatac ctgctaattc catattattt240  
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaacaaa300  
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360  
ttgtaagata gtaagtttag aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatg gcagagttta420  
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggatg aacgcaaatg caatttgcgt tgactaattt480  
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tggtctttct ttcctgccac aagacagggt540  
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600  
tctcaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata660  
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720  
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15 agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
   ttggttggca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
   tgttttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccacagga aaaccttttg gactttcaga180
   gacatttggtg ctagccaacc acatgggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
   tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
   tgtgatccctc tgggaagtatg ctatgtttgtg tatatcttgc atccaaagcc agaggggaacc360
   acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg ccactctagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataaa480
   atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
   tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
   tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

50 cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtgcgc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
   tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
   cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
   atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcattcctt gtttttgac240
   acagtctctt tactcagatc agctagtctt acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
   aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaaggtct gttgattagg ctggggcg 357

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25 cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60  
attccggaac ccggggcgcg ggcactgctg caggcgcccg gactccgctc agtttccggt120  
gcgcggaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggt ttctagggtt gttacgaagc180  
tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240  
30 cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300  
aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcacctt tttcgatgtg360  
gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420  
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480  
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttccct ttcattttac actttgttac540  
35 taatttcgag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600  
attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660  
aatataaaaag catttgact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720  
tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780  
taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaagg840  
40 ttttgagagg aggggggccc aaggtgttcc tggggtttgc cgagggaggc 890

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

15 gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgccgc tttataagcg ggcgctacgc 60
   cacctcgagt cgtggtgcgt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga 120
   gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag 180
   gagggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct 240
   cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat 300
   gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg 360
   aagaaactgc ggagggaaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca 420
20 cctggtgggc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggaga tttgccccca 480
   ctgtggtggt atattgtgac cagaccccg gaggcgccca tgtagaaaga gagagacctc 540
   atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc 600
   agtgaaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```

50 ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
   acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt ccttctgtct ggtggcactt 120
   agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
   agtcttcctg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
   ttattatact tettaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

```

aaactatcta aaatagagca ttttgggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggctct tctgtctggt 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tattttagat agattaacat 660
taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttatct ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtggtgtat tattaatatg aaaaaaaaaa ttttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaag aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgtccttctt tcctctttta agtggttcagc tgtggcatgc tcagaggttc 1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttcct 1080
ttctgtatc caccaaagt gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt 1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat ggtttggtat cactgtaaat 1200
aaaaagaggg cctggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggcttc gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagtgag ccacagcgt agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt 120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggatc tcgcaaaagg aaagaggctg 180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccaccaa cctgaaagg gcttaggaag ttgaaaggcc 240
cagaggaggc ctccgggcaa atggcggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga 300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtctg ggattcggac ggagagcgcg 360
aggactcggc ggctgagcgc gcccagacgc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc 420
gcattcgcac gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgact gaccgtgact 480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg 540
gggagccccg tgtgctggc ctggccatgg taccggaca ccacatcgtt tccattgagg 600
tgcagagga gagtctgacc gggcctcgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca 660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```
25 gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
   agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
   tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
   cagccccctac cccagagggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
   tagtttgtct gagctagaaa acttgtagct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
   acttgtctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cttttttaa aaacatcagt 360
30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
   ctgcgtagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
   cttacacaga gccagtaga gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
   acatcaaadc tttagccaga catatctagc cttagaagtg caaaaaaaaa aaaagcccc 600
   aaacgaagac acccacactg agtaggggtg atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35 agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
   aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tggtttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
   tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcaactgat aagggtgtca 840
   cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
   gaccccaactg cagccctgcc cagcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga 1020
   gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg 1080
   ttctgtctgc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccctccag gagagggtgc 1140
   accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagca 1200
   agcagcccc atttaggttc caaggtcgtt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca 1260
45 aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggaacatg gagccgttca 1320
   agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc 1380
   tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt 1440
   gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct 1500
   ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctggttccg 1560
50 gatccttccc ccgcatgttc atagacggag agacttctac tttagctcgc tagaaaagag 1620
   ctgagctctg tgtcccctca ggcgccagc tgcagtcatc cacagcacag cattctccta 1680
   gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat 1740
   ctgagtgcac atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaa agccccccag 1800
   acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggg aaggcagtag agcttgact 1860
55 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtccat cccacactga 1920
   ctctcct
```

1927

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 672 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

25 gccttttttat tttttttttt tggctggttat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60  
 cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120  
 agggctacag cgctgctttt atgctacacg gggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180  
 aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacatca tgggaaacac cttccctttt240  
 cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300  
 30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggtct taagggtgcc agaagtctca360  
 ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctcggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420  
 cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480  
 gaaaactggt gttacccaga aaaacaggag caattagaaa tgggttccaat atttcaaagc540  
 tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttaggggt tcttctcttt cctttctctt600  
 35 tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660  
 ctcagaggtt gc 672

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60  
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120  
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180  
cagaccctct ccagaagttg ggggtgaacaa ctcactctgga ctcagacgta tgaagaagct240  
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc cccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60  
tcttgccgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggccagaa120  
tggtacaaac agtccctgat gggtgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180  
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggt ggccacagcc ggggttgtga240  
cctcggtggc cttcatgtct actctcccga tctcgtctg caagggtgag gactccaaca300  
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tctcctggg tgtgttggg atctttggcc360  
45 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttcctct420  
ttgggaccc cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480  
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc gggtgggtgat tctgggtctg gccgtgggct540  
tcagccatgt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600  
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

ctttaatgtg cctagagcaa tggaaatgggg cacttttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60  
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120  
gttctaatacc tcccttacac tcattccttg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180  
25 tggcctaaaac tattgagtc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240  
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300  
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360  
tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggt tctggcaggg420  
gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tcttccctgc tttaggagat ctattgggaa480  
30 actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540  
gcagggtttca ccctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggta tgcgtgcagc600  
aagcttgga tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gaccctcttc660  
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720  
tggtgtgtgt gcgtgttggg ctgaccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780  
35 c 781

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgctactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60  
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120  
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180  
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccc ccaagtatgc actgagatgc240  
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300  
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60  
cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc ccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120  
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gttgttccg ccgggccggg gacaagagaa 180  
gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtatg gagccctcac 240  
catcgatggg gaggaatata ttctttttaa gcagtatgca ggcaaataata tcctctttgt 300  
45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360  
agaacttggg ccatttggct tggctattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaaca 420  
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac cagggtggggg 480  
ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540  
attctacact ttctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600  
50 ccgctctttt tgggaaccca tgaagatcca tgacatccgc tggaaactttg agaagtccct 660  
ggtggggcca gatggcatal cggttatgcg ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720  
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780  
actgatgccc ccaccctacc cctacccctt gccatcatg caagggccga ggagggggctc 840  
ttcaggaagg aagccacatt ccagtcatt ctacccccc cccagattct ctttcttatt 900  
55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtggtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcataattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaaaag gaaacacaag ttctagggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
ttggggccag catctccac atgcccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttcc1200
5 gaaggaccct cctgagccc caagccatc ccacagtgt cctgagacca gccaaagaca1260
ctgtgagcgc gatggccgtg taccacaggt caggggtgtg gtctctatga aggaggggcl320
cgaagccctt gtgggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgcat1380
caggcttagg ctcccagga gggacactac ccccgccct ctggaggaca tgctatcctc1440
10 tcaactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgccc gtaaagggtt ttctgcagca1500
aaaaaaaaa agaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1528

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

35 ggcaggtctc agcgtctctc cccctgtctc gctcctctgc agggcccagg cgccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cttcccagaa gcccggtgtg ggggcggggc acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180
aagtccaggg ccggtcggag gcaggggag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgctg300
gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaaaga gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc cactgaagg gccctggaca420
gggtcatta aaccttctc tctgcctacg agtaccaccc acctggagct aagatgctta480
ggtggggggg ggccgccga 499

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcggaaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga gggtcgggtg ggcacggggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtctgg 120
aaagcgcgag tctgagtgga accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcatggcg 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtct gatagcagac 240
aataggccta gtgttggaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
cttggccttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctcga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
25 aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggt agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aagggtttaag tgaagatggt tttacctatt actataatac 720
agaacacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatatt attccacaca ctagtgatct 780
gccttctagt aagggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
30 ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggagggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgaccc 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaaccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttggaaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
35 ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtggatttt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacag aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag1320
cttttttggt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
40 ttgtcccggtg ttttgt 1396
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtctt tctagtcctt gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
   ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaatgaac aaggaagtca 300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaaggga 360
   caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaacaaa gtcgatgacc 420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaac tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac 540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacgggtgga gaactaaaca attttttaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgg 660
   tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa 720
   taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
   aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga 808

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1139 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tattttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gtttaacccc 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttcctcccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggt gtctataaat ggaattggct 360

```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggtcttctt 600
5  tgggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagaggga ggaaaaggct gtatctctgc tgctctgggt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttgtgg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggtcctcgcg ggctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaal020
ggcctcgcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgctt ctttctgagal080
caatgcattg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtcgccg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaattgtgc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgttagcagc 420
tagtgacagta acacaagtag ccaaggtttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtcct tttacagggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccattttaaag aggggttaatt tggagaagtc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtgc tagaccaaaag agaaaaaaca agaagtccta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcaagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaagc1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgall140
caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgccga gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaal260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatcl320
5 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgaggttgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataal440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtc tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaal620
10 cctggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaal740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtggtggg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaagggca1860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaagtgtaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ctttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtga aatcagagtt atttgttaat tttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaaa aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcgggtacc2160
tacacggata atatcgc 2177
20

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

45

```

ggcgcaggcc ccagccagct caggetacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggtgaatcg ccctggcctt ggctgccctc cttgttgttg acagggaggt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccggat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tgagagggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catcccatTT ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taataaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttctgaa ggggtgaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gctacacat gccaataga aactgacaga cactagatgt gcttggaga ttaaacacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag ttgacacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcaa aactgatggt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacaggga ataaattaca gtcagtgtgta 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatat ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttggttg ctctctcttc1020
40 atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaagt1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgctgatgt tgtgggccta tccgttccag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc acctttgaga tttttcctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaaa ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc 1349

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

```
atttaattctt cattcttcta ctatcccca tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctcagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggt acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacggag acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccaccatg actaccatca gcaatagaag gcctacacc agtttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactgggtccg attccacccc ctacagacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatttgtgc tctacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
tctgtacca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaacat cacaaaaatc ataccattcal1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35 tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaacttc cattaacgaa aatgacccag1320
acctcataaa cccaatcaaa cgcttagcat tcggaagcat ctttgagga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tctcacaat accatgattt ttaaaaacca1440
40 cagccctaatt tatttcagta ttaggatttc taatcgact agaactaaac aacctaaacca1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctgggggttt1560
tcccatctat tattcaccgc attacacca taaaatctct caacctaaagc ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctgggttag aaaaaacat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
45 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatac ccgaaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacaaacta tatattgccg ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatac atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactcca cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
50 aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaacatcc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac cctaaaacca ttaacaaccc aacaaaccca ctaacaatta aacctaaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa ccaagacaa ccaacaaaa ataatgaact2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
55 gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaata agtccaaatc attacaggtc2520
tttctcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgtcgaga cgtaaaattac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```



```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggtacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt caccctctct tctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aaccggaatg atatttccta ttgcatagc ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttcttcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15 cagggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaac acgatcgggt3540
gacatatagg gc 3552

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgcttggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgtctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcagggtta ttcaaaagt ggagtcttct cagggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgctggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcactctgat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagttta gtaggtcaat480
50 gattgaattc gttagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggtta600
a 601

```

### 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```
25 agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaa ccacaaagct acaacactga 60
ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
tgatcttggc tcactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
cccaagtagc tgggtttata ggtgccgcc accagaccgc gctaattttt tagtttttagt 240
agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctctaaa tgacctctt atttttaact 300
tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
30 cccactccc acaaactctg aagccagtgt ctagcttact aaaaaagag ttgtatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaata atgaaactag ggaatttca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctggtt tgagaagcag 600
tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgttt ccctcatgat aataaatttg 660
35 tcataactca gtaacatgaa cttgcccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttct gttgcaaata ccttggagga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
acttgactat atatgttgca tctgtgcct ccctcatat taatatttga taaagatttt 900
aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagctttt 960
40 aggataggca agacctgta tgaatagtac caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaa taaaatgtgc aagctctcag gatggcacaal 1080
aacaaggtt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattcal 1200
gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaagg ttttatctgt gtagaatggg 1260
45 tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttcttttal 1380
gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttcl 1440
atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattgccagt tcagtccttt caaatgagg gagaaacatt tgccctgcctt 1560
50 gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaatttg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag 1800
ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
55 tgggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtattttat tatttattac 1920
tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgctgtg aggatgtact 1980
gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt 2040
```

ttatactggtt ggatacttat aatcaaaact ttactaggg tattgaataa atctagtctt2100  
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 623 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcgccgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60  
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120  
gtccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180  
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240  
cgcgagcgac agaaactaga gacccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300  
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcacccgg360  
35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggtgtgtc cctcaagatc420  
cagacactca agtccaacaa ctcatggca caagccatga aggtgtcac caaggccatg480  
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540  
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca ttgatgatc600  
ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcggttatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtctca tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggtcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgtatgaa ggccatgcaa 240
agtcttctga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg 300
aaggctggga tcatagagga gatgtagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg 420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctacccgcg tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt 660
tggaagagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgcccag gttttgggat cgcaaaggga 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa 781
a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

50

```

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct aggggcccgg 60
aagggaact gcgagggcga ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggtagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

```

tcaatggctg ttaacaccta gcaggaata tgccaccaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgaggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggttgt tgctggagg gctgctgttg gtcttgagc 420
attgtgctac tatggcttg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag caggagtagt 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattgggtg gacctttgca gccatggttg gagctggaat 660
gctggtagca tcaataccat atgaccagag cccaggccca aagcatcttg cttgggtgct 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtcctcttct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagtggcat tgtgggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgcccgat gaaaagtct tgaacatggg tgcaccttg ggagtgggac tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttctctc tgtatgatacl1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgc tcagcttctg gcttctctgcl1200
taccataaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcgttgaaagt ttagaagata agaaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgt tttaaaatgt tttgggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttcactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaaatac ttagggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtagag1680
25 gagcccggtg ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:
- 50 cccccccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggc agtctccacg 60  
tggttaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgc cggaagccga catctcgagt120  
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180  
gcctcggagc tgaagcccgt actcaagatg gcggtctccg gcgggcgtgg ccagtacta240  
55 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggcggcgac gagcgagtc cagaggacgg300  
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctgggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caagggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420  
 cttcttgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480  
 tgttatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540  
 5 aaaaataaaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600  
 gaagggaagg gaagaaaaca taggtggggg ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660  
 ctccatcgca cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720  
 agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780  
 gttcaaaccc ggggtttgtg aaccggggga acccattgcg ccttgggaat t 831

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60  
 35 tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcgggtg attttaatga taggtgtcat120  
 atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180  
 ctagggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagagggtc ttacagcaac ccaacgtctc240  
 atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggttaagct acaggcaaca ccacttccgc300  
 gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360  
 40 atcccgggtgc tgaagactaa cgccggaccg cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420  
 aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480  
 tggttccgac tggagtccaa caaggaaggga actcgggtgg ttggaaaatg ctggtatatac540  
 catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttctatcac atatcctact600  
 actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660  
 45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720  
 gggagagcat caggaagagt agct 744

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgcgcgagc aagatggcgg cgcgagtgcg ggcgcgcgcgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctctgcagc gggcgggccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtaactt tgggtggggac 360
ttggaacacg tgggatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggagaagt cagctcctgt tggagtccag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataa tatgaactca ggtcttacc 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattgggtata ttacacagtt ccacttattc aggaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gactttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgtcgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac 1140
ttctcccccac cctccagaag gggctccagt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
40 gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtatttgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtgtatt tttctataac aaaacaagta 1620
45 gctctaggaa aagagggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgt 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
50 caaatcttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2017

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20  
 cgcagtgccg aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctggtggc 60  
 tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120  
 cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180  
 atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240  
 25 agtaccacgc tggctctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300  
 taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttggtcc cgtataaagg360  
 atatatctgg aactatggtg ccatccctca gacttgggaa gaccagggc acaatgataa420  
 acatactggc tgttggtggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaagg480  
 atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540  
 30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600  
 taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660  
 gtttagaagg tataagggtc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctg ttaatgcaga720  
 atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaagc780  
 attagtgact aagaaaacga atgggaaaaa gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840  
 35 gccctcaaa gtgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagtgt 60  
 cgttcccaaa gtataagcgg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccagccg120  
 10 aatacaacat atctccggaa acccggcggg cgcaagcgag cggttggtcca taagagccca180  
 gctgaaacga gagtacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240  
 tcctgccttg cttcgttggt cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300  
 cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360  
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420  
 15 tcgaacattt cacctctcat attaatgtctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480  
 ataatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtgc540

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60  
 ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120  
 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180  
 45 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240  
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300  
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360  
 gtaagaggct gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420  
 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag ccccatTTca gcattagccc 480  
 50 caactgggaa ggaagaaggc ctttagcacc ggctcttggt tctggtggtt ttgttcttta 540  
 tcgttggtgt aattattggg aagattgcct ttagagagga gcatgcacag gatggtaaat 600  
 tggattgggt gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaa 660  
 aattaatgta tgatgacatc tcacaggtct tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720  
 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaaaatgtat 780

```

5  agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
   tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
   tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
   tggagccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggccac1020
10 tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
   tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
   ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
   ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtgaa gtcaaactgt1260
   tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcacatc atgttttctt1320
15 attgtcacia gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
   tgctgctgga gggctgtggg ctectctgtc tctggagagt ctggcatgt ggaggtggg1440
   tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaca1500
   actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat1560
   gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
20 cagcgccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagg1680
   caaatggatc gggctgcaga gggtagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
   aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800
   attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
   gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tatttttttt tatgtttaa 60
   accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
   gaaaaattct gccatgatat tagcaaagggt aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
   accatttccc caaggaaatac ctcttggcat ttcttgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaataac 300
   atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact cttattaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
   tttattttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
   gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
   gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaca atcttttttc tggtaagag aaaaaaaaaa 600
   aaaagaaaca gcactctgca tgcttcactc tacaagatga atttccctag aaagaatcca 660

```

```

atgaaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gaggcctaaa 780
ccttcattctc tcagggtgccg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttgtttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
5 ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcata tcaatttgga atccattaat1020
tcacaggtt ttgcctcttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggtgtt1140
agcattactg aaacagtcac agttgaccct gggcaataa ttccactgtt gggcctcaca1200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttcact ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gatttgtagt gactacatct gtgaaggggc ctttggaattt gaggtctgtg1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccttgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg gggcggttg ctgcgtggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttgtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttgtg ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttcta1740
atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20 tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatttg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggctctg gaagagcgtc gagggggccg 60
50 tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtacgagatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttgatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtgaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggagaaa 480

```

```

5  gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
   ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600
   ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtgggtggcg 660
   cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgttctt gctcctgatg tggatgaccc 720
10 agaggcattc ccagctcttg ctttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
   acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
   aaaaagactg tcattcatal cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
   gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat tttagaaatgt 960
   attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
10 gtattgtctg ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
   cagtttaaaag ctttcacttc atttgtgttt ttaattaag gatttagaag tcccccaat 1140
   tacaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
   atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tgggaatact 1260
   actatatgta ttttaactta gttttaatat ttccattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
   gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
   ttgggtcca aattataa 1458

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

   gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
45  cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc ccttgcaccc 300
   ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360
   cacctgggag tgggaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatgggtg 420
50  gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
   ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctgggtg 540
   atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttcgtg 600
   caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
   atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtgtgtg acacatgaag 720
55  atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
   tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

```

5  gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggaagaatg ggaatgggga 900
   acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtggtggg 960
   gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt1020
   actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggctc actagacttt1080
10 cttacagatt taatttcttt tgtattttta gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
   tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
   ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
   tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
   tactattagt tctacaagaa gtagtgtggt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
15 cgtaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
   ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gttaaataaa agcctaaaga tgaagtggct1500
   tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaatg tcatttatca1560
   ggcatagctc tgaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
   gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc1680
   ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggttat1740
   cgcaagatgt cttagagtag ggtaaaggtt ctgagtgaac caagaattca gtattaaagt1800
   ctataggtag tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgcccaata1860
   gagtttaaat aactgtataa atgatgacct taaaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
   tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagtttttag1980
20 tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
   tatggctttt ttccaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
   tattgaactt gttacttggt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2188

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

50  ctcgctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
   caccgcccgc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
   ggccccagtc accatcaccc caaccatgag cagcgaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
   ggcccccccc ggggcccccg cctcagcgcc gcgccgaccc aagcccggca ctacgggcag 240
   cggcgcgagg agcggtgccc cggcgggcct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
55  gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
   tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

5  gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
   tgttgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatggt acaggtcctg gtggtgttcc 540
   agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
   gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
   gggatcggag agtgctcccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaa 720
   gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
   tgtgcaggga gaagtgatgg aggtgtctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
   agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctccctcgca 900
   aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagacca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
   agaaaacctt aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
   ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctcta1140
   ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
   acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgtctttt gcccgttgac cagataaata1260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc1320
   tttttggtaa taacaaacgt gttttttaa aaagcctggg ttttctcaat acgctttaal1380
   aggtttttaa attgtttcat atctgggtcaa gttgagattt ttaagaactt cttttttaat1440
   ttgtaataaa agtttacaac ttgatTTTTT caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
   taataaagggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45  ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
   tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccc tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
   gcgagatcca gggacagagt ctgagcctcg ccgctgctgc cgccgcgcgc gccagagac 180
   tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattga 240
   taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
10  ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
   tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccgt aggtcatctt ggagggctcg 420
   ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
   cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttgga 540
   aaagtctctg atccccaatg cttcacaaag agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55  aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggattg 660
   tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780  
 tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840  
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900  
 agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960  
 5 ggaggggaaa attaacccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020  
 agaccatttg tcatccatgc tgtccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080  
 ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140  
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag ttgtctgtt ttctgtcttt gagggtagg1200  
 ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254  
 10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:
- 35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttctttttt ttttttgtga gagcaggggc 60  
 actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatgggtg120  
 tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg180  
 gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcca240  
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agccccacaca gaacatgttg300  
 ttgtaaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360  
 aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420  
 atgagggact cgggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480  
 gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540  
 45 ctgttgattt tgggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccctcc600  
 aggacttcga tgttggtgctc tcccagtcct acctggatgc gggacttgta gcagtgcact660  
 gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gccaccgc agaagtggta gccagaattc720  
 aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatctgtca780  
 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840  
 50 atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccgct ctttatacct cccgaggatg900  
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgaggggc actgctcctc ccagcacaaa caca 954

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```

ggcgggacccg cccgggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cggctcctgt ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcgatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag tagggtgtga cctccgcagc cgagaggag gagcgagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccac aggaggtact gtcaaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtctg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgttcatg ttccagcag agtctggttc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgtccccgga 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaaag gatattcacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcattag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggtc1080
40 tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tgatattccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcatcaagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
ataaaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttattttc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcatt tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta agtagaaaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat ttctttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatttgaaa1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccc aacagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtgtttc atgggagact tctttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaa aagcttcaaa ctaggtattc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgactg tgcttttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttgga ttttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

```



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 20 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60  
 tccatggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgctcgagatg aatataaata 120  
 30 taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180  
 tcttcaccta gcgcagtcaa tggagaatgg cttaaaactac atggctgtgg catttgctat 240  
 gcagttagta aaaatcctgc tggtggaatga aaggagtggt gctcatgtta ctgaggcaga 300  
 tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360  
 agaaggattg cccagctga tggagtagt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420  
 tgctcatgga ggccaaaact ttatgatgca ttctgggatc tctcaagcct cagagtatga 480  
 35 tgaccctcca ggctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540  
 ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600  
 gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660  
 tgaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720  
 caatcccacc atgatccgag ccaagtgcta tcacaacctg gatgccttg ttcgactcat 780  
 40 tgcactgctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840  
 gaacaaggctc ctgtgtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgctcagag 900  
 tgaatttcag caacttccct accatcgaat ttttatcatg cttctcttg aactcaatgc 960  
 acctgagcat gtgttggaat ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020  
 ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg cttgtatata gcctggcttg aactgatttc1080  
 45 ccacgagata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140  
 gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg ctttctctta gaaatgtgga1200  
 actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtctc tgggtctttt1260  
 gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc1320  
 taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380  
 50 cgaccatctc actcctaate taaaggtgga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440  
 gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500  
 tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgagaacct acaggtatcc1560  
 aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactgggtgct ctatgtcggg1620  
 actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680  
 55 cactcagcac acatggatat cttcagaatg ttggctgtgg acttgacac tgagggctgc1740  
 tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800

```

5   ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
    atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctcttctt1920
    attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
    cactgtgccc cagaaatcga aaagttattc cagtcggtcg cacagtgtcg catgggacag2040
10  aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
    tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
    tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccc aactactgttg2220
    ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
    tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
15  ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
    aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagtct2460
    catgtcttct gacattcctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
    taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagttat taaaaatgtg2580
    gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctactattg gaatcccatg2640
20  agtttccatt ttgtctctac ccaaacgtat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
    tttcttttgg ggattatata cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
    ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
    gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggaac ccaaaccgcg attaatg 2878

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

45  atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaattcta aaaagtaatg ggatcttttg 60
    acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaattttta ccatattctt ttctagttaa120
    agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaaagaca ggtgagactt180
    cgagagccct gtcattcttct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
    ttgggaaaaa gaggtacgtt agtgttcgcg attttaaaagg caaagtgcta attgatatta300
50  gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaagggt atttctttta360
    atccagaaca atggagccag ctgaaggaaac agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
    aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagttgtt ttaatctgtc480
    tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
    aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
55  taattgtcaa cttttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
    aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60  
atcaggaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcg120  
gaaccctca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tgggtcaggal80  
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240  
30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccacctaaa300  
atggaatca aattagggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360  
ggacaaggga gcaactgggt ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420  
gttaaacatt ggcaaggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480  
gcttgtaaa cttttgttat ctttggtatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540  
35 tggagtacga gccggtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600  
aaggctcggg aaccaagttc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660  
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720  
ttgatgaagg ttcccgcctg ctgtcccttc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780  
gcatttcctg atttcctctg tggaataaaa agcttttc 817

40

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
- 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcgaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gactctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
15 agacttccaa ctttggccat gtcacttttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaata 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caaggttggg tggagtactg ctctgtgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttctgagctt ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaa gaaaaagaaga actgttaaa ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggtctt actgaagtaa 780
25 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gttcagtgat 840
aagcccatca gcttgaggaa gatatttgtt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagttaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata 1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga 1080
30 acaaaagaa cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg 1140
ctgaaaagga aactctgcaa agaaactttc tgcttacaac ctcaagttaa gaagatactt 1200
gtttttttaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag 1260
ttgtctttct ggctaagaa ctcagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag 1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg 1380
35 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgatata ctggaacacg 1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata 1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatacat 1560
cagctaataa taataatgtc ttcaaaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg 1620
cttcagtaaa cacagacca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatacctt 1680
40 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgacaaaag 1740
aaattgtctg caaaacagaa aagtataata aatgtaaaac actcttgca gatgagaaag 1800
caaaaatgca taatatgtc gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag 1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac 1920
45 ttaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaaatgga agatggagca gatggtgctt 1980
tttaccaga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca 2040
atgttgctct cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg 2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tctccaagt caacatttac 2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc 2220
50 tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaag 2280
gtcactggaa ggtgtgccc atgtgcagcg agcagttccc tctgactat gaccagcagg 2340
tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac 2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa 2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga 2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata 2580
55 aattttaatc tctgttaatc ttacaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat 2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60  
 ctccgccgcg cgctctctcc gccgccgcgg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120  
 aactctcgct ttctttttta tccccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc aatgtcaga180  
 cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggag240  
 tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaaatgcta atgaggaaaa300  
 tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360  
 aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420  
 aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480  
 cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctctc540  
 acttcccgctc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccg cccgccacc600  
 gtgggcagtg ccacccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaacccaa accatgagaa660  
 tttgcaacag gggagggaaa aaggaccaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720  
 gtactttaaa aaggaaaattt gtttgtagt tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780  
 tgttaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcggttc840  
 tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggtgttgta ccatgttcaa ttataatccc900  
 aaaaagggga aaaaaaacct tt 922

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10

```

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct cccccgccc gccagccgag gcagctcgag ccagtcgcgc120
ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccattggccgg gtggaacgcc180
tacatcgaca acctcatggc ggacggggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct300
gaggtgggtg tcctgggttg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgctg aggatgggga atttagcatg420
gatcttcgta ccaagagcac cggtggggcc ccacattca atgtcactgt caccaagact480
gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggcctc ccacattcgg cggtcccgat actgacctcg tctgtccctt600
ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggtggt atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tgggtggaaa780
acttttggtt ttgggggttt ttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg                                     870

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgag actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatgggtggtg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtggccct gaagaaattt aagtctatcc 180

```

```

gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttggaa gtaccgcttt ggtgacctca gctgacctta cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttgggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctt ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
acttcgtcta tgcgagcttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg caggggcatgg tgcaggaggg cgcctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtt ccagcggggg agcggttgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcaccag gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggtggtg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctctgtaact 1020
15 gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga cttcatcat caatgggtgtg gagttccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctcatgaac acggctactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctcccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt 1200
cctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgctgcct cgacacgtgg gctccctctt tctcttgac cctgcacctt cctagggcat 1320
20 tgtatctgtc tttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcattcgtcg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacact 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgacct atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tctctgaag aaaccaatga ctttaaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatga ggatgatgaa gatgatgacg 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggctcactg 600

```

```

5  attttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttactcc agttgtcccc acagtagaca 660
   catatgatgg ccgaggtgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
   gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
   gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
   ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
   ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
   atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca 1020
   gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggaagaag 1080
   ataaacacct gaaatttcgt atttctcatg aattagatag tgcattcttct gaggtcaatt 1140
10  aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata 1200
   gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta 1260
   tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcattggaa 1320
   ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgca 1380
   actatcactg tattttaata tttgttattc tctcatgaat agaaatttat gtagaagca 1440
15  acaaaatact ttaccact taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataattcttt 1500
   gttttttaag ttagtgtata tttgttgtg attatctttt tgtgggtgta ataaatcttt 1560
   tatcttgaat gtaataagaa tttgtgtgtg tcaattgctt atttgttttc ccacgggtgt 1620
   ccagcaatta ataaaacata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaaaga gaaaagaaa 1680
   aaaagaaaaa aaaaaaggg gagggagggg ag                                     1712

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1273Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

45  accgccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcggga ggggtggcag cggaaggca 60
   gccagtttc gcgaaggctg tggcgcgcc gcggcccgca ggcacccggc acgcgccttc 120
   cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
   ccgccaagg gccgccaagg aagagcccaa gaggagatcg gcgcggttgt cagctaaacc 240
   tcttgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
50  aaagtgcaaa caaaaggga aaggggagca aagggaac aggccgaagt ggctaacca 360
   gaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gagtccagcc 420
   tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
   cagtggtecc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaa atttttatca actattttgt 540
   aaatgcaagt ttttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat cccacctcat 600
55  cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggtgttttat 660
   ttttttgtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

```



```

5  ggggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaaagc 780
   atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
   tctattacca tgttgtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
   ggctctctct gccagaattg tgtgcaactt gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttcct 960
10 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt1020
   tgagtttgta actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggacttg1080
   atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt1140
   taaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt1200
   acaaatgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa1260
10 aaaaaaaaaaaa aaa 1273

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

   cctcggacca ccggaactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcgq cgtgcggcac 60
   gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggtgg ggactgcacg tagcccgcg ctcggcatgg 120
   ctctcctggt gctcgggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgatc gaattaaact catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
   gtgatatgtt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggt tggctactgt caaagattaa 300
   caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
   atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
   agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
   gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
   tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
   tggttgagtt ctatgctcct tgggtgtggc actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
   ccgcaagctt agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
   tatttcagaa aggcgagctc cctgtggatt atgacggtgg gcggacaaga tccgacatcg 900
   tgtcccgggc ccttgatttg tttcttgata acgccccacc tctgagctg cttgagatta 960
   tcaacgagga cattgccaaag aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc1020
   tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctgal1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc1140
   agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgccal200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagttag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggagggcggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgtag1380
5 aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gaggttgtgag1440
agccacaaca gaggcttcag accatcttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaaggagac attctctaca ctcatgatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattggt gtgacgggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacatcttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttggg1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800
ttttccatta aagaataaaa tttttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgtttgagc taaatcaata ttttgaagtg atacacagat1920
gtctttcctc cccacaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tcttgcctaa tatttgtctt tgggctgtct ctagtacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggtctt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:
- 45
- ```

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagctc aagtctctta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaatttag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaagag aaagagttag aaagagaacg agaaagagac aagaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaa 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagttaa 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggttccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatgtt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cggcttagat ctcttaaaaa 660

```

```

atcaggaaaag aagtcagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacgggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaaag agcattcctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5  tgtcatttgtt ttatatgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
   ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagtal1020
   ttttgtttta ggatgttggtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgta1080
   gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt1140
   ttttgcccca ccggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg1200
10  tgccttcttat acctgatgca ctttataagc cccagtgttc aagtagctta agttttatat1260
   ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttggtgg tttgctaacc1320
   atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggta1380
   gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
   atatgatttc catatccca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
15  aaatatcttt tcatctcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
   aacaagggtt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag1620
   gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
   ttggtccccc cccctactcc caagagactt ggggttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
   aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaaattca aggtgcaaaa1800
20  agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
   gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagggt1920
   ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50  taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
   ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
   gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aattttatac aattaccact 300
   ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaattttaa acatttcaca 360
   taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55  acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
   acatattctg ataatacataa cagtcacatg atttctgatg ctatctgggc tgtaataaat 540

```

```

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tcgttgcaac gctatttaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcaactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccagggtgc ataatttccc atcagtcctgt ccttgtagta ggcaaggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcggg atactcaaat atatccaaac atctttttaa aactttgatt 840
tatagctcct agaaagttaa gttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
ctcaaagtga atgattttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt 1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac 1080
10 acttaaaacg aatctcaaga ggggtgaccat tgtgttttca gataccatcc ctaaggagag 1140
tgggttaacg gaagattgcc agtgttactg atggaagaa gtgtttgttt gttttttttt 1200
cttgtcaaaag acttacacca tagtttttaa ttaaaactgtc aggcattttt tcagacaggt 1260
tttctttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaa catgactttt gactgccact 1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
15 tgagtccttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaaccatc taatcagttt 1440
ccctcaaaga tgaaattgac aaatttaatg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc 1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaaagt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
gggggcaatt tgtaaggcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat 1620
ataatatgga accttggtcc aggtgttgcc atgatgtcac tgtacggttc ttctgtgtc 1680
20 agctcaatag cttgctgctt tttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt 1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgtag attcagctcc agtttagca 1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatc tctttcttc 1860
tgatcttgat cgcccctga tgcattctca tctcttctc cttcatcctc ttcttttcc 1920
ttctctttct ccttctcttt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata 1980
25 tttggagggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat 2040
ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tgggtgtgga ggcatactg actcatctat 2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgactc ctggaggcgg cttggctctt caataatggg 2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctggtgctgg tctctctag gaacctctgg 2220
attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctcctcctt tctcctttt 2280
30 tctaaggctt tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagtctgtt 2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca 2400
catcatcaat ttcttggtgg cggtgccaga tccaaagtag taacaatac tgaataatca 2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc 2520
ctcttctctt tggtttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct 2580
35 tcttctctcat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcattg ttggcattgg ttcaacggga 2640
tccactgaat caggactatc agggccaccc attgatacat tatcatcctc atccatatcg 2700
tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
aagataaccg catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc 2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc 2880
40 agattgcttg tgctctgttc agactctaatt aggaggttag aagtagtagt gcttactaac 2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcattatct cagcatcatc cattccaaa 3000
tcaccaaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttata 3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgctgggcca catcgatgtc atctaagtca 3120
ggcagtggtc gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaag taatggcatt ataagctgct 3180
45 tcccgaattt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccga aagccatctt tatcttaag 3240
aatgcttcat tacagtctgc aagaaggat ttggctttcc tgtgatagat tcgaactact 3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttgggtga gatgatactc 3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca 3420
atggggccgct agccaaattc ttgccagagg ccctctttta ctgagaacaa aatgtgcgta 3480
50 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagtgg 3540
gcgggctggg tggccgggg aggggaaaag ggtcggggga gggggtggg aaagggggga 3600
gcccttgca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgcccc cacagccggc gcctccttc 3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaaaccgc ggctcttc 3708

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60

(C) STRANG: einzel

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
20  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtag tatcgccaag 180
    tctgggacca aagcggttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttggctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
    aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcctcag cagggggatc attcacagtg 360
    25  aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaactg agtacttggg ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaa gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaaggg agacaaaaga gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
    gaagacaaac ctgaaattga agatgttggg tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggg 660
    30  gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    ggacagttgg aattcagagc ccttctatct gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
    gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
    35  aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggg agactcggag1020
    gatctccctc taaacatatc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tgggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
    aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
    tctcaaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtagt acacatctgc ctctggtgat1260
    40  gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    ctgaaggaa ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
    gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
    45  aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tgggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gtacatggc agcaaaagaaa1740
    cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
    gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactctgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
    50  tcttctggct tcagtctgga agatcccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
    aaacttggct tgggtattga tgaagtgac cctactgctg atgataccag tgctgtgtga1980
    actgaagaaa tgccaccct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
    taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
    ttttcaaggg tggttttctt tattttgttt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
    55  tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttgggt tattttcaca gattggggta2280
    acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtggtctaa agtgtttagc2340
    tgtcaagccg gatgcctaag tagacaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
```

```

t gatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
ctgtagtgtga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
agttaaaagc ctacctaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtcctt2640
5 gtggatggaa atgtagtgtc cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
gttagtgcca aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggttaaaca ctagctgctc2820
caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctacagcagg gtgggggtgga gcacatgtag2880
gcacagaaaa caggaaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
10 tcttagtgtc cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2815 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcgaggaggt ggagtcaaca tatcaatgga 60
gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
aatgatacag gacacacaat gggatgaccc ttcatgttgc agcagcttac aaatccagca 180
40 ccagggaattc tgggacctcc acctccctca ttctatcttg ggggaccagc agttggacca 240
agaggaaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaaggc 300
agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
aaaattaatg aggcatttat tgaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
gagcttggac gtgtgataca tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
50 ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagttaaaga acaagaagag aagtcgggtg1020
aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaaccta atgcttcttg1080
55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca1140
gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa1200

```

```

5  aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
   agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal1320
   atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac caggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
   atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
   actatgtgat acctaaaaca ggggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
   aagaagttgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
   ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
   atttaaatgat ttcaaaagaaa ataatggttc tttgttttta atgttaacct tttttaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtgag aaataataga1800
   tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatgggta agttaatgaal1860
   tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
   agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaal1980
   atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaate tgagccttgc2100
   agactttcat ttggagtgtg aaccggtttt gggtgcattt catttttgga gaacttaatt2160
   aacgtgagat tggcaattga aatgcaggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgttgtt2220
   aggtaataag aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
   tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
   tcatacatct ctgggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctctcata2460
   ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgcccat aatcctagat2520
   gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgat2580
   aatttgtgtt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtga taccaataaaa aagaaaaccc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
   gaatgttaac caaaaaaaaa aacagttgtg gtttttatc gctcttaaac tttgtgcatg2760
   ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

## 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
   agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcagggtt 120
   cccgcccggga agaagcgacc aaagcgctg aggaccggca acatgggtgc gtcgggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtcctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccccttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcataattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaga tggaagtggg gacagaggag atggcccctt tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaaaa tgggtgatgat atctttagaa ggtgaagatg ggttgatga aatttattca 840
ttcagtgaaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagtgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaa1020
15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaatgatg atgatgaac tgaagtttta1080
aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgaat tagttccttt ctctaaagtgl140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag ggaagtgtct tctctgtttt gggattttgt1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttctctcc tgattcatgc tttggatgac1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tagtataatc gagctaatcc tcaagtccgc1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccatgagctt ggcaaaagaa1560
gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
25 tttcagagat tttttcagtg tctgtgtcac agagctttac atccccggga gcctctaccc1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcttc tctctaaaat aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat1800
caagtgactg ctcaggaaat tttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaaa1860
ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgct1920
30 acctctgttg gaagtgtgaa tcctgtctgaa aacttccgtg ttctagtga acagaagaag1980
gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gagccttccg ggaagaagcc2100
atlaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttcctga aagcccttca agagaaagt2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgatc2220
35 accaaagagg aagcctctgg aagtctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaagggtg tgatgtggac2340
gatttatttg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
tgtgatgtcg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg ttgaatgaat2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatc aagtttataa agagtcattg2580
ttattttctg gttggtgtat tattttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg ttgaaccatg gcatggttat tgatgagttt2760
cttaaccctt tccagagtcc tcttctgcct gatcctccaa cagctgtcac aacttggtt2820
45 gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttcttt aagtgggggt ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtgggtgtct catgaagaaa agacctttg gcccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtagttagaa3120
50 ttatatcact tcaactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagtgt cgttatatta3180
aaacactttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggatgggtgc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttcttg3300
tcctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttggtgta cagacttctt ggtacccagt3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tcaactaatc acagttttgt acatgtaaca3420
55 ttaaaagcat aaatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure



- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```
20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcc 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
cggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag cacggctctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaga660
gaaaaaaa 668
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5  ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
   ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
   tggcaccacc tactcttggtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaal 180
   tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgctgccttt acggacactg aacggttgat 240
   cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
   ctttatgggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caagggtccaa gtagaataca agggagagac 420
   caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc 480
   agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgcttgggtt cacagtgccg gcttacttta 540
   atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggtc tgcaatgtac 600
15 ttttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcctggtaa tttctttacg ggtttgggca 660
   aaaaaagggtt t
                                     671

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

   agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
   ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
   agtcgccaca cctttgccc tgcctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
45 ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgttaga cttctttggg aatgggccac 240
   cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
   cgcttgctcaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
   tccgggagct cttcccaaca tggctgttg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtc 420
   cctacggaaa cgcacaggaa caaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
50 gagaagagga gtgcaaatc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
   agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
   cactatgcct gcagctctac gccccagggc tgctgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
   tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgccca gcggacagat gctctccagc 720
   caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgga gatcagacc 780
55 agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttcct 840

```

caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900  
 tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccggcacct 960  
 gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020  
 cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080  
 5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgctgcc acgccgacgc agaccctct 60  
 ctgcacgcca gcccgcccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120  
 cgccctggtgg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaaatagct180  
 ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgta tggtaaaaac240  
 35 ctccaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgta cctgggagag300  
 aagtttgaaq aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgaa ctttacagat360  
 ggtgcattgg ttcagcatca ggagtggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420  
 aaagatggga aattagtgtt ggagtgtgc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480  
 gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540  
 40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600  
 ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660  
 taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 837 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

15 ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60  
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120  
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180  
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctc240  
atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300  
20 ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360  
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420  
cactgggggg gttgggggtg gcttggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480  
tttgatatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540  
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600  
25 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660  
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720  
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780  
aagtccttgg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggtcag cgctcgaggc ggtagtgaag gtggcgtttc cttgaggaag agtgaggggt 60
ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa 120
gcagccggtg gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga 180
5 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga 240
tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatgggta 300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaac ttgacctgct 360
taatacatc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt 420
10 atctgcttg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaa ataatgtttg atataaaaag 480
gaaagagaaa aattgcg

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggctcgagc tggtaacaac gggcacacgt gtttcacgtt gacagggttg cttgggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaaata aatgcaattg 180
40 tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtatct agaatgggat caccaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaattg tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatt 480
45 aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcac tttccttcgg gttggcaaaa 600
tatttttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggataa 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaata agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttagactta tgtcttttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50 agaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatgtg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatcccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta 1020
55 tttctaataa agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25 cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60  
 ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120  
 aactggaac acaagatgc agccatctac ctagtacat ctttggcatc aaaagcccaa 180  
 acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240  
 30 aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300  
 gacggatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaagaaca tcttttagtc 360  
 tcgattcctc tcttgattaa tcatttcaa gctgaaagta ttgttgttca tacttacgca 420  
 gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480  
 gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaacaa accttttcaa agctctcaca 540  
 35 cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600  
 ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctacagcttac acagaagcta 660  
 ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720  
 tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aacctgtctg ctgttgtaaa ttttgaggag 780  
 gctttgtttt tgggtgtttac tgaaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840  
 40 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttccat 900  
 atggccttat ttctcatct cttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960  
 gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgtc 1020  
 gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080  
 aatgaccacc aaggttttta tcttctaaac agtataatag agcacatgcc tcctgaatca 1140  
 45 gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200  
 acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260  
 gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg 1320  
 gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380  
 gcggttgcca taaccaaat actaacgaa tgtcccccaa tgatggacac tgagtatacc 1440  
 50 aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500  
 accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560  
 ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggtea aatggtgaat 1620  
 aaccccaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680  
 gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740  
 55 tagtagtagt tctgg 1755

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```

25  gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgtgtt cctcccgaac 60
    cggaccgggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
    acgcctcccg cgagtcgccg gcccctcccg cgcctctctt ctccggcgcg gcgcagatgg 180
    ggcgcgcgcg aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
    gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30  aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgtcaaaag 360
    ctggctgcca aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
    gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgatgag 480
    agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac ggcacctcca tgtgctggtg tgtgaacact 540
    gctggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35  tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
    ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
    acgagtattt tgtatgagaa taatgtttatc actattgatc tgggtcaaaa ttcttctcaa 780
    aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
    ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
40  ctggatcctg gtcaaaactt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
    cagggtctaa aagctggtgt tattgctgtt attgtggtt tgggtatagc agttgttgc 1020
    ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
    ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
45  atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
    catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
    tactcaaaat ataagcagct tgaaaactggc tttaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320
    tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttgga ctccatcgtt aaaattat 1380
    atgtgtaaca ttcaaagtgt tgcattaa atgttccac agtaaaatct gaaaaactga 1440
    tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagctctg tacatacata cttttttatg 1500
50  agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

20

gcgcggtatt atcgggtaga catctcgcac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgcagc 60  
 atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatct 120  
 gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aagggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180  
 25 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggg 240  
 aatggcacaa ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300  
 cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggct 360  
 atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420  
 aagaagttaga tgaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaaaactatg 480  
 30 aagagtttgt acaaagtatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540  
 ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600  
 cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660  
 cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720  
 gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780  
 35 gagttgggtca aatgagggaa catctggggt atgccttttt taaagtagtt ttcttttagga 840  
 actgtcagca tgtgtgtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900  
 aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960  
 cactatcttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020  
 40 ttttaaaactt ggttttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaatccat 1080  
 tccaagttgt atatttggtt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 791 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

gcccgcgcgc cggacccggc gagaggcggc ggcgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcgggg gggccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
15 ttgtcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaaat gggggggagg caccgagct180
ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agactcccc cgagaggtct tttccgagt gccagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgctg cccttttcta ctttgccagc aaactgggtg tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgccgaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctcgg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca gggtggttgg gacggcctcc tctcctactt540
tgggacgccc acgtggcaga ccgtgacat ctttgtggcg ggagtgtctc ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggacttgtt tttcctcca660
taaattatgg catttttctg ggagggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720
25 ttgtgaatta ttggggggtg tggggaagag tggctctgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 599 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct ctcccccctc ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120

```

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180  
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaatgcc tggatcctgt240  
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300  
 tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcaagc gtgacttgaa360  
 5 gtgttgcatg ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttcccct gtgaaagctt gattcctgcc420  
 atatggagga ggctctggag tcctgctctg tgtgggtccag gtcctttcca ccctgagact480  
 tggctccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540  
 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35 gggcccgcgg ctccggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcgggaacc 60  
 cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120  
 atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgct ggtaacaggt ggggctggct180  
 acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggatcatc240  
 ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300  
 40 aggagctgac aggcgcgtct gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360  
 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgct gggctcaagg420  
 ccgtgggcga gtcggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480  
 tccagcttct ggagatcatg aaggccacg gggatgaaga cctgggtgtc agcagctcag540  
 ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacgggggtg600  
 45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcattcatcc480
tgaaaagaag gagacagga tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccttttt tccttctttc ctttcttctt tctctttctt tctttttaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggagggtggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaaact ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttgggaatt ggtgtggga                                     860

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5  cggggctcgc ccagcctggt ccggggagag gactggctgg gcaggggagc cgccccgcct 60
   cgggagagggc gggccgggag gggctgggag tatgtgagc tcggagccac cgccccgcct 120
   gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
   agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
   gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc taccagggg ctctctatcc 300
10  tggggcctac ccgggcagg caccgccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
   ctaccctgga gcacctggag cttatcccgg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
   acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gaggctaccc 480
   tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
   gcctggggga gtggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggcacggtga agcccaatgc 600
15  aaacagaatt gctttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacg 660
   cttcaatgag aacaacagga gactcattgt ttgcaataga aagctggata ataactggg 720
   aagggaagaa agacagtcgg tttcccatc tgaagtgagg aaaccattca aaatacaagt 780
   actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
   tcctcggtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20  caccagtgtc tcatatacca tgatataatc tgaaggggag agattaaaaa aaaaaaaga 960
   atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattc 1020
   tcaatatccc tcttgaagt catctactta ataatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
   aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
   aggggggggg tgggt                                     1155

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 522 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50  aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
   attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaatcttg aatgatacga ttatgccaa 120
   tattaagtaa aaaaataaag aaaagggtat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct 180
   gatgaaggca tctgatgcct tcactgttcc agtcactctc aaaaacagta aaaataacca 240
   ctttttggtt ggcaatatga aattttttaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac 300
55  tgctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta 360

```

atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420  
 tgaataaatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaca480  
 ttctaattaa aggcctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60  
 30 gccgcttcca ataggcgctt gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120  
 cgcggctctg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgcagg cggcgagggc gcgagtgagg 180  
 agcagaccca ggcctcgcgc gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240  
 ggcgacttcc gggggccttg gcacctggcg gacctcccgc gagcgtcggc acctgaacgc 300  
 gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccgc acctgatcgc gagaccccaa 360  
 35 cggctgggtgg cgtcgcctgc gcgtctcggc tgagctggcc atggcgagc gtgcgggctg 420  
 aggcggagcg ggcgtttctc gccctgctgg gatcgtgct cctctctggg gtcctggcgg 480  
 ccgaccgaga acgcagcatc cacgacttct gcctgggtgc gaagggtggt ggcagatgcc 540  
 gggcctccat gcctaggtgg tggtaacaat tctactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600  
 atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660  
 40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720  
 cctctgtccc aagtgtccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780  
 actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tctactgggc ttgccgtgca tccttccac 840  
 gctggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900  
 gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960  
 45 agaatectcc cctgccccctt ggetcaaagg tgggtggtct ggccgggctg ttcgtgatgg 1020  
 tgttgatcct cttcctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc 1080  
 aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaaga 1140  
 acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcggc aagaggactg gggaaaggag gggagactat 1200  
 gtgtgagctt tttttaaata gagggattga ctcgatttg agtgatcatt agggctgagg 1260  
 50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggtctg gcagggatgg gtttgctttg 1320  
 gaaatectct aggaggtcc tccctcgatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380  
 ttccctcgct atcgatttct ttccctccagg tagagtttct tttgcttatg ttgaattcca 1440  
 ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttgttt gtctgattal 1500  
 tqgttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa 1560  
 55 tgtacaagtt taataaaaag gggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620  
 aaaaaaaa 1628

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacacagg 60  
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgccaacggt aagtcctcc120  
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccgatcccc tcagccttcc aggtcctca180  
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240  
30 cgtcctgggc tggctggccg tcatgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300  
cttcacggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360  
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagt caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420  
gcaggacctg caggcgggcc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480  
cgtgctgctg tccgtggtgg gggcggaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540  
35 ccaaggggca gaaatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctggttggg ccggccta600  
gggtg 605

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

10 agggggggcg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
   ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtgggtc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgtgggt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggcggcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
   cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacatgcccc tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtgga atctttggaa caggaaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaagcc atgtcfaatg 660
   accgccgccg cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
   ctgctcagct gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtggatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
   ggtcccagggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagtgtat gagctgcttc 960
   agaaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca 1020
   gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
   ttcctgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg 1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccgcc cctgctgccg 1200
30 accgaggact gaccactcga ccagggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
   ctgaagttaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa 1320
   aattgggtgt ctltgcagaa gatgtgggtt caaaciaaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
   tgggcgggtg tgtcatagcg acagtgtatc tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaac 1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
   agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
   tcactaccca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680
   tttactcatt atcgctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttga 1740
   ttaattccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctc tatactacat 1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga 1860
   ttctctcctg attatttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggtt 1920
   gtgaccfaat taagtcctac tttacatatg cttaagaat cgatggggga tgcttcatgt 1980
   gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc ttctctgac actatgcatt 2040
   ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgcttttagag agattttttt tccatgactg 2100
45 cattttactg tacagattgc tgcttctgct atattttgtga tataggaatt aagaggatac 2160
   acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct 2220
   tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
   taagcatttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat 2340
   tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
   aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaatttttg gtggggagaa gaggcagatt 2520
   caattttctt taaccagtcg gaagtttcac ttatgataca aaagaagatg aaatggag 2580
   tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac cttcttttta agatgtgtct 2640
   tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa 2700
55 aactatatta ctggcagggt tataatatgg c 2731

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2194 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

gaattcagaa gttaaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60  
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120  
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180  
25 cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240  
cggctggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300  
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360  
cccaatccaa atggcgctctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcattcgaat 420  
ctactaatte cacacctttt attgacacag aaaatggtga gaatcccaaa tttgattgat 480  
30 ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540  
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600  
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660  
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720  
acaggttaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780  
35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840  
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt ggggaactgaa ctcaactttcc 900  
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcc 960  
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat 1020  
ccatattgag tcaaattgta ggcatttctc atcacctgtt tccattcaac aagagcacta 1080  
40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal 1140  
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc 1200  
agtgggtgca tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagcga ttctcctgcc 1260  
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgccggct aatttttgt 1320  
atcttagtag agacagggtt tcacatggtt gccagggtg gtttcgaact cctgacctca 1380  
45 ggtgatccac cgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccgcgcc 1440  
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttaca tttaaaaaa 1500  
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaaagg 1560  
gtcaaaaacta taaatcaagt atttggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt 1620  
caciaaactt tatactctt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat 1680  
50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac 1740  
ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttaca ctgcctcgac 1800  
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca 1860  
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtc 1920  
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac 1980  
55 tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgattg 2040  
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc 2100  
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa 2160  
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

25

cggaagggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60  
ggccgcacgc ccaggcccg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120  
aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180  
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaaagc 240  
30 taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaatagaa 300  
gtatatttat aaaggatttg agagcccgct tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360  
gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggggccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420  
aaaaactgtg tagcttgcca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480  
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540  
35 tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600  
tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660  
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatatgata atttacattc aagtttaatt 720  
gtgcaacttt taaccctgtg tggctgggtt tttgttctgt tttgttttgt attattttta 780  
actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840  
40 gaaatgatg ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900  
atatttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtgg tgaataccac 960  
tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tctgattat ctgtactgtg gggttaagta1020  
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggccccctcaa tttattttgtg gtcacccagg1080  
gttcagagca agaagtcttg ctttatataa atgtatccat aaaatatcag agcttgttgg1140  
45 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca1200  
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatgggtgta atttaaaactc tgggcagcct1260  
ctgaatgaaa tgctactttc tttagaataa taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320  
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcagg1380  
tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440  
50 tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggaca1500  
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggg gcttataaaa agttataaat atcgagttagc1560  
tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620  
gccagttttg taactactga cttatgtgca aactgggtgca gaaattctat aaactctttg1680  
ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaaact1740  
55 cagaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800  
atttcgactt gg 1812

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgtttcc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgagc aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
30 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac ccgacacccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccac ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttacc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaaat gcaaccatac ctatgtggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttctctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtacccactc ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttaataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```

ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
15 accttttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttattg tgggtgacaat 180
tcagtggtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaaatggaa aacagatatac aggatattgga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccaggt tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
ccaggatatac ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg gggtcattgct 540
gtgatgttta ttgccatagt tgttgaggtt gcagtaattt gtgttggtccc gtacagatat 600
cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgtcc 720
agtccatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgttt attctgtagt ttcactctca 780
tgagtgaac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaatgtagg agcatccttt 840
gatgcttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
taacacttag atttatttga ccagtcagca cagcatgcct ggttgattta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gtccacaatg aaattatatt 1020
ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt tttgttcaa agattaatgc caactcttaa 1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat ttatatatac gtccattgta aaaagccctt 1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
aatatgcaca aacttggtt ctttaacca gaattattt ggaaaattct ctaaaagtta 1260
35 atagggtaaa ttctctattt tttgtaatgt gttcgggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
ttcagaatca gatgcacct ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggga 1440
tgccacttca tgggtcgaaag tgaacactgt agtcttgttg ttttccaaa gagaactccg 1500
tatgttctct taggttgagt aaccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
40 tccttaaata aagagagggg ttaaacatgc cctctaaaag taggtggttt tgaagagaat 1620
aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattcttagt ccatttacat tgccctgggt 1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaaaagta 1740
gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga 1800
tggaagaagt aaatatagct caggtagcac ttataactca ggcagatctc agccctctac 1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaaa cagggactgc 1920
cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaatca agagtgtaga 2040
agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttccttt 2100
cctttgtagt ctctggcaag atgctttagg aagataaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa taccggttcc acatgctttt caagaatgtc 2220
gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc 2340
acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tataatgtga taaatagta 2400
ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaaa ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa 2580
atctgttaaa ataaaattgt acatttgga aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25  ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
    cgatcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctgg tgatcaccaal20
    ccggagaaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
    ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggg240
    atcgatccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
    cctttcaaatt tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accagggtta atagatcctg360
30  gcctcagggt ctcctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
    ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaagga tggcatagcg480
    ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
    cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaagtgtt ttagatggga aatagcgttg ttatcgccct600
    gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccggagga gaagaggagt660
35  ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
    gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttga tgtctttgag780
    gacagacatt gcccgaaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
    tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
40  gtaatttttt aaaataaaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
    aaaaaaaaaa aaaaac

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttccggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggcctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttccctca aagtttccc 120
15 ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
gggaaggggc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
gaatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgtat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
tttccctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaaacttga tgaattaact 1020
30 taaccaagag ggtatttgtg gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc 1080
tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcac atttgtaagc tagcagatct 1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcccttcgc 1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgtg tcctttaatt tccagccttt 1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagtgag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa 1320
35 tggttaattgt tttgtttttg taatagctta acaataaac ctaggttttc tatattaaaa 1380
aaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

10 tccctatctt acccttcccg attctctctt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60  
ttttctttct tttctttttc ttcccctttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120  
ttgggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180  
atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccagggt tttttaccgg ctttttaaga 240  
tggccaattc ttcttctccc cccaccccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300  
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgagggtgaag attccaatta 360  
cattcgagac ttaagtctct tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtattta 420  
15 caatattaca gcactagcag atcagtgctc acaactcatc tttttctgct gtatcctctt 480  
caccagttgg gggaggccct gcacttccat agagtttgct gataattggg tgaacaattt 540  
cttccagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600  
gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatggctct cttatcttca gaggaaagtt 660  
tacctccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720  
20 actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttctctagca aacttctcag 780  
catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctgggtc ttgggtgattg 840  
tgatcttatt tttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900  
catctatctc aaaggtagct tcaatctgtg ggacccacag aggagcagga ggaattccag 960  
tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag gggcttttca ccttcataga1020  
25 ccttgattgt aacagttggg tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg1080  
taggcaccac tgtgttccct ggaatcagtt tgggtcatgac acctccaca gtttcaatac1140  
caagtgtgaa gggacataca tcaagcagta ccaggctacc tgtatcttga tcaccagaga1200  
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg1260  
atgggttccct gccattgaag aactctttaa ccagttgtctg aatctttgga attcagagtcg1320  
30 agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca1380  
ctttctggac gggcttcata gttagaccga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg1440  
cccagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg1500  
cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg ccttttctac ctgcgcgcgg agtttctgca1560  
cagctctatt gtcttccctg acatctttgc ccgtcttctt tttgtacagt ttgatgaagt1620  
35 gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca1680  
caacttcgaa gacaccattg tcaatggtag gaagagacac atcgaagggt ccgccaccca1740  
gggtcaaacac caggatgttc ttctccccct ccctcttctc caggccataa gcaatagcag1800  
ctgccgtagg ctgcttgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt1860  
tggttgcttg gcgttgggca tcattaaaaat aggtcgttac agtaacaact gcatgggtaa1920  
40 ccttctttcc caaataagcc tcagcggttt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa1980  
tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatgggt2040  
tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgctgc acagacgggt2100  
cattccaagt gcggccgatg agccgcttgg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg2160  
tgagctgggt cttggcggca tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat2220  
45 aggacggcgt gatgcggttg ccctgatcgt ttggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga2280  
acacgccgac gcaggagtag gtgtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg ccacgtcct2340  
ccttcttgtc ctctcctcgt gcccgcgcgg cgctgagcag cagcagcatc gcggccacca2400  
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta2460  
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgagg tcacaaggcg2520  
50 ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact2580  
cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gacccttag 2639

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctcccgcgcg cgcgggttaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccgccccc 60  
 gggcatagca ccatgcctgc ttgtgcctta ggcccgctag ccgccgccct cctcctcagc120  
 20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180  
 cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240  
 gacaacctca agtgcctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300  
 gagggttcct gcccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360  
 tgccagggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420  
 25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480  
 agaaagtctt tccttgccc tgcatctggt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540  
 actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaacca taaagtaacc600  
 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgccca gtctgttcct ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
5 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccaggtt gccagcccgg cgagttcacg300
ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcaccc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacaggtgc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600
tgagggaagct gggagaccct ccccacagtg ccacccatgc agctgtctcc caggccaccc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgtctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcgttcca aggcattctgt gagccgcgag agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatggtg gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtgacaac agaacaatat tggaatggtg gtaatacgag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
45 tcctctctcc ataggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtgttg tctcatctac480
cttataatat ctgc 494

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

20  acgcggetga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttcctggctc 60
    ctcccttcctc cccacccctc taataggttc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
    cactctgccc ttcacatggc ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
    cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
    tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
    ccgctttccc aggcgcctgg tggctccttg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25  gaactgtcag aatgaggaga tctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
    ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
    cttcgcttac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gaccattttt ccctcatgac 540
    cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgctca gatgtggcct ggaactttga 600
    gaagtccctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30  catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
    tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
    caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccctcac tgcagagcct 840
    tgcctttccc ctctgctgtt ttccttttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
    tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35  ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaal1020
    taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

```
ggactgcggt cgtagctctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcctc ttgcgcgtct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaal20
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtaccta aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acataattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgctcaa atcttttttca aatttaattgt atatgtgtat ataaggtagt attcagtgaa420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648
```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

```
ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtccctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgacagac aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgctcca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggagccca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttacct tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaaga ctcttcatg tacgacaccc ctcaagaggt 600
```

```

ggccgaagct ttctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgctctg gaccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga 1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgcatgtc atcatcctca tgactgatgg 1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata 1140
10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggg 1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca 1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga 1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat gggttgggaa cacaggaagg gtaccgatta 1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc cttcaaagg gacacgagag 1440
15 ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgtgaca gcagcacatt gtttactgt 1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat 1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
gactatcagg ccattttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
20 tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaaagaa 1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcacagca ctgaagtcag 360
ccttatcttg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55 acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

tgtacaagac tgatctggag aaggacatta ttctggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatggttgc cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
5 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaaag aggttaaagg 840
agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
aatcatgggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa 1020
gtacggcaag tcctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaaagc 1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat 1140
ggctgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgaaat aacagtcccc 1200
gtggccatcc ctgtgagggt gacgttagca ttaccccaaa cctcatttta gttgcctaag 1260
cattgctggt ccttctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaagga 1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac ttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag 1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa 1440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa 1500
gctctgggac tgagctgtac agtatggtg cccctatcca agtgtcgcta ttttaagtta 1560
atttaaataa aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgc ctggagtcg acgtggaagt tgctggctga 60
45 ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaaac actgaagatc 120
ggcgaggagg gacagggggg tcatcatggg tggcttttc tcaagtatat ttccagctct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat ttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccattgttga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccattttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtta cttcacacta ctatagtgta 780

```

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840  
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900  
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatattct atttgtagtg aattcttatt 960  
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020  
5 aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLTFY WWVITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWELTCVH60  
25 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMEY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIAVVRD NIAISGMLQA60  
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60  
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWYTLFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60  
35 SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPKK SLDFVIFYKNS60  
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYTFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTTS60  
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60  
EWNQKNVVSU 70

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

50

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60  
LKSLEFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEEV LRKRFETTAV120  
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180  
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240  
RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300  
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSDT NIRWNNYIAG360  
10 RAFVLCSAVS DDFDFTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420  
GKY 423

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESY KETLSVPTVE 60  
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120  
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180  
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDLD LMVDITYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLFYFKEI60  
LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGEGSWTA 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQROQKEE60  
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60  
ADVYGKKEQK M 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60  
AMYKLG 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60  
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60  
NELYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120  
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPEL EYIPRKRGN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120  
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSQV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35 EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60  
SEKSSAASEE EEEKESEAI LADDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSGSGY HTACLRPPLM120  
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLV ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180  
PDFSEDQEEK KKDSKSKAN LLERRSTRTR KCISYRDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240  
GRGKDITIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDP LSSLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLEFV SFSDFKISF LSVFCKAVDS180  
SSTSS 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPFAE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60  
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120  
NAKEFVPGVK YGNI 134

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60  
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120  
SFSIHMYSAN GLSSS 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLFDFDFE FFYVIFGKTH SELYLVT 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLC60  
L 61

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60  
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAFRGRP ESPSADPVPP PGRAGDPSP DASASGPRGG120  
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60  
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

20 (A) LÄNGE: 214 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60  
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120  
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180  
40 KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
45 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRRSGLNRM LEPRLDSDTL60  
RF 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60  
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLSIRKIKQ NTSPARLTCV YIIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60  
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVVMMWF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGKEK60  
KREKGGKGRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSIIQIAQP60  
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

45

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFFLFRYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60  
KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

30 TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60  
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120  
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

35

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

50

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60  
KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSKCK KDVFMPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120  
EDEGVDDVNF RKVRKPKGV TILKGIPIKK TKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGLINK240  
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300  
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360  
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420  
5 EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSE LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60  
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSEFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60  
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

50

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60  
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60  
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSWLAVI SGSHKEVFAS QSSSFGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60  
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPYIA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60  
PLPQSHQPAR GAD 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH . .  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120  
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHEVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60  
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60  
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPWCCLD DWPSEKAMY PDYFAKREQW120  
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWYIVTRPR ERPM 174

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSPAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADVVCNI R 131

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHDLD KDTQYLLNSS 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSGGERED SAAERARQQL 60  
EALLNKTMRI RMTDGRITLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDSFSAGE PRVLGLAMVP120  
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60  
LQSRVQVRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPK E DPMAGISTAE HHLDPATAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60  
ERRVCKNAKV TFPVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60  
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTTPG AQTACGSRTS120  
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRC PAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60  
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120  
YLRTVSAP 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSE AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60  
FPSDLPLVPL ESQRL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60  
FP 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60  
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60  
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLQ GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLPWPHLRL 60  
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPS120

GCYRY

125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20

RGDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60  
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120  
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180  
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDSMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60  
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVHLHAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60  
LETFLKLFSL LDEDKDGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60  
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5 KTTIHGPCQN HLPPPHCFK RPTLSKGD IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60  
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPPSRSSL AGQTNTQHS SARES 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSLSSRR LNSLKRVSR IIQATKLSKL MPSSLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60  
ISWASMVPEW L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLESGGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60  
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60  
35 VSTYRISR SQ PYRVCQTWLR RSKARRTST SDSSRLAAV A 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPPSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLA AH ASLRFACLL L LFNRFGRQW IFLLRLCLLQ 60  
ERLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25 GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60  
LFEKGDVNGE KEQKFYTF LK NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGP DGI120  
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45

LMPPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60  
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120  
WGQHLPHAH TTHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180  
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRD TT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240  
50 KKKRKKKKK 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15

AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60  
SSGFPVGGRRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120  
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60  
DSSSSSSSDSD TDVKSHAAGS QKHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60  
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120  
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60  
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120  
30 NQKKEKKEKK KKRSEFKGQMG RRHNL 145

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50

PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60  
LKKTAVKTVW VEGLEDGFT YYYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120  
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180  
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VOLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60  
REEEKKILQR ADG 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60  
KGNEVMIQ 68

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- 50 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDDNN NAGSGQSVS VNNEHNVANV 60  
DNNNGWDSWN SIWDYGNF ATRLFQKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQKGP120  
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180  
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHVFVN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60  
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLW VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60  
LLLLALVAGE VLQDHLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60  
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120  
RSHSSFSDRF RRSLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGYR RNPSTGNKAH 60  
FQNYHQRRPP ESYFQAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKAKGF 60  
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLC SG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120  
GAISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180  
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

20

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRL L SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60  
PLLSVKELRD MGITLHLLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120  
FISAISSKL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180  
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240  
40 NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHVDLDF HLNVRNLEES300  
SGVENS PAGA RPKRKNKKS Y DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQUELES YRAQEDEVKR360  
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420  
LDVYFEYEEK IMSKTTL DKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480  
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTKPM GLLSRVMTNG SQFVMEGVKN540  
45 LVLKQQNLPV TRILDNL MEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600  
GGNYIEYQNL VDYIKGQ GK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMOVESPT 60  
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGK C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35 QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60  
SPSVPQTRLD IWEQVGDMST CSQMILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120  
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVL SIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60  
ITVASTS 67

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHAG 60  
SDSLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLSGSSY VQNGTGNAEY EEANKQS 117

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60  
IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120  
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180  
PRNRIKQPNR IKLRCR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60  
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICTH AFFKAILFIC SGSIHSLAD120  
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60  
SLKTSITLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTNQKGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120  
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60  
30 ILSSIEFMVT QCQVVIYYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120  
GDSRRMKIK 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

35

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60  
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20

SMMLEFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60  
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120  
TS 122

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HSLSPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60  
RK 62

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60  
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60  
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60  
YGG L 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHEPK RSFDSALEVL60  
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAKQGQM 60  
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKLPIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

50

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCS RSSRMARFR ALWFCRSSSS 60  
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVGAHGL GDTLHGLCHR 60  
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120  
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI V LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60  
SLQKSTEVMS AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120  
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEEALAE MQRSLATLRS180

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

25 LMPFQSONLQ ERWLPQRMGRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
30 ALHLCCEDYH FEGGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

50 KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60  
EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSQVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VVSVSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

50

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

15 KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60  
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120  
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180  
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

20

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

35

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60  
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQRTS KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120  
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATTRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YR 132

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFASISYSLVP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVM DI PAFSKPPSSF 60  
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120  
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKTSFE 159

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50

ATLPDALPPA TKFFLKAFDD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60  
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- 5 (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALS SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAT NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPSTQPNP TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60  
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 50 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60  
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60  
DMLYSAGSRV SGRVRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFIVG VIIGKIAL 158

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

25 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45 SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60  
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120  
STTFLCWQIC FQIDF 135

## 50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60  
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFIICC120  
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNAS YSVNFSSTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180  
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRDANSLPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60  
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120  
PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180  
FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240  
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDEVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKETFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60  
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60  
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120  
 AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGMG180  
 5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYQGQG MSGGGWRGMY 220

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 25 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTTACAG CTCCTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60  
 TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120  
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180  
 ACAGCAGAGA GAACAACCTGG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240  
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTGTA TCCTGACTCG 300  
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360  
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420  
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGG 480  
 CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAGG GGATAATTTT 540  
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600  
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTTGGCCTTT CCCTTGTATT 660  
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACCTC AAGTTTTATC 720  
 45 ATTTGAAGTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780  
 AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840  
 CTCTTGACCC TGCCTGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900  
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960  
 CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTG GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020  
 50 GATTAATGAA TCAGAAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAAA1080  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20  
ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60  
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120  
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180  
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCAATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTTC AACC GGTTGTT 240  
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300  
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360  
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420  
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCCG CGACATCCCT 480  
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540  
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTGGCCAC 600  
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660  
TTAGTTTTAT GCTCCCATTC AAAAATTTTC CACTATTTTT ATAAGCTGTT AATTTCTTGA 720  
GTACTTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGGATA AACCAGGTAA GTATTTTTTT TTTGTCTTTA 780  
35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840  
TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900  
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTATGATA 960  
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020  
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080  
40 AAAAAAAA 1088

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3292 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

ATGCCGAAC TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60  
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120  
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAATAAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180  
15 CATTITGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240  
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTGAACA ACCCAGATAG TAGACACAGA 300  
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAACAGAA AAAAATTGAT 360  
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420  
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCCCT TGAAGAGAAG 480  
20 GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540  
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600  
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTCTGAG AAAGCGGTTT 660  
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720  
ATCTGTGAGA GCTGTATTCG AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACCTCTTT 780  
25 TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840  
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900  
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACCTGAGAA GTGGGGATTA 960  
AATATGGAGT ATTGTCTGTG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAAATG1020  
AAAGTTGTTG CTTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080  
30 TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140  
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200  
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTCA GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260  
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGAATCT1320  
CCTGCAAGCA CTGTGTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380  
35 AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTTNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATTT1440  
CATGTGTTACT ATTGTTGTTT TAAAAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500  
CCTNCCANGG GGCAACCTC GTGATGTCTT CTTTGC GGCGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560  
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620  
TTGAGGAAGC CACAAATTTG GCAACCAAACT TTGATATTCA AATGAAACTC CCTGGGAAAT1680  
40 TCCGCAGAGC TCACCNNAGG GTAACCTTGA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740  
AAGAAACCCN TAAGTGTCCT AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800  
TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860  
CTCAAATTC AATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920  
ATCCTGACAC GCTGTCAGCT GAGCTTCATT GTTGAGAAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980  
45 AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTT2040  
TTCTTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100  
ATGAGCGGTA TGAAAATGGN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160  
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGGG TATTTAAACA2220  
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAAACTCTAT ACAAGTAAAGT CAGAGCTTCC2280  
50 TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340  
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400  
TCTTTGCCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460  
CCCCGTGTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTC TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520  
AGTGCCATGT TTCCNTTTG CGTGATCTCT GTTGATGGCA CTCTGGAATT GTTTCACTTA2580  
55 AGTCATTTTA GACATAGCAT TTATATCAC TGTGGNATCT CACTTGTGTG GGTGTTATGA2640  
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700  
NAAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAAGTA2760  
TNGTTAAAAA TNCTATACCT GNNACAGNTT ACAAGAAAT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820  
CTCACCNAAA CAAGGNATTT NCAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880  
60 CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940  
NNTACANTTC CNNNTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTTNA GCANGGTATA3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060  
 TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120  
 GATTTATAAG CNAAAAACCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180  
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240  
 5 TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTTGTTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

GGTAGAAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60  
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120  
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180  
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAGT TCTAGAACCA 240  
 GAAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300  
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360  
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420  
 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480  
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540  
 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600  
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660  
 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGA 720  
 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780  
 45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840  
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900  
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960  
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020  
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080  
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGCCCGAG GAAAAAGATAT CTCCACCATC1140  
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```
AAGGACGCTT GCCTTTTCC GGTGCGGGAA GGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGTTTGGTGG GGTACACGC GGGTTCAACA 120
TGCCTATCGA AAAGTGTAT TTCTGTTCGG GGCCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTGAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAACTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAGAG CTACAGAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCTT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTT TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAAGTATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAG ATGGTTGTGC TATTGGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTCTTTGCA GTAAATATT CCCTTTGTGA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTAG TATTTCCTGT TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGTTTCTT TAAAAAGCT CCTGTTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCGAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60  
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTTCG GACCCTACCT GACCCATCAG120  
CAAAAGGTGT TGCGGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180  
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240  
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300  
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360  
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420  
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480  
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540  
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600  
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660  
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720  
30 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGAGCT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CTTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACATCTA1200
AAATAGAGCA TTTGGTATC TTTTATCTGA CCATCCATAT CCAATGTCTT CATTTAAACA1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCACCTAGA1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380
25 CTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTT GAAAAGGTTA1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTG TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTTCTG TGTGGTGTAT1740
TATTAAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTCCT TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860
TGTCCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTTCTG TGTGGCATGC TCAGAGGTTC CTGCTGGATT1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTT GTGCCTTCCT TTCTTGATATC1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100
CCTGGGAATT CTTGCGATT CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:



## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60  
TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120  
GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180  
TCCTTGTGGC CCTCTCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240  
10 AGGACACAAA GGA CTCTCGA CCCAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300  
AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360  
CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420  
TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCTCTC AATCTGGTTT 480  
ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCAGG ATTATGTTTG 540  
15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600  
CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAGTTGTC 660  
TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720  
CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780  
TTAGGTTATG GTTAAATGTT ACAACAATA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840  
20 GGTTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900  
CTAAAAAATA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTTC TCCAAAAAATA AAAAAAATA 960  
AAAAAATAATA AAAAAAATA AAAAATTGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60  
CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120  
NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGCCCGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180  
CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240  
AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300  
CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360  
55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420  
TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAACTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCGNN 480  
ACCAGGTNNG GGGGCTTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

5 TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600  
CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660  
CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720  
TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780  
TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840  
CACCCTACCC CTACCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900  
GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCGAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960  
AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020  
CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080  
10 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTCT1140  
GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200  
CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCNTTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCCACACN1260  
TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320  
AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380  
15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440  
GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500  
GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCGCG GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560  
TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAAA1620  
20 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA GG 1652

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:  
40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60  
CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120  
ACCTCGATT GGTTTTCCT GCCATTTAGA TGTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180  
ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240  
50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAA AATGAGAGAA 300  
ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360  
TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420  
CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480  
AGGTTTATC TCTGTTGAA TCCTCGAAG AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540  
55 GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600  
TAAAAAGAAA AAAAAAACG CATTCAAGTT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660  
GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720  
CCGACTTGAG TTTGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780

ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840  
GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900  
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960  
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTGCGT TCAGCGAAAC TTAAAAAGA1020  
5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTCTCTGTA CGTAGTGTTT AATCTTCCAA1080  
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140  
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TACTATCTG1200  
CCAGGAACCTG GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260  
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320  
10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380  
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60  
AAGTCGGGGA TCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120  
40 CTCCGGCCTG CCAGTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180  
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240  
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300  
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTTCGA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360  
GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420  
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTCCACC AAGGCCATGG480  
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540  
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCCA600  
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCCAGGTT CTGGATGAGC660  
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTGCA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720  
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780  
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCTGCCA CTCCGAGATA840  
ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAGAG ATTTGACACT900

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAAGTGA AAGCCGGAAG 60  
GGGCAAGACG GGTTCAAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGAAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCA 120  
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180  
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240  
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300  
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360  
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420  
CCATGCAAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480  
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540  
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTA 600  
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGACTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660  
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720  
TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGAGCT AGGGGCTGCC TACCCGCTG GGTGTGCACA 780  
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840  
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TGTGTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900  
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTATG GAGTATAGAC 960  
AGATATATCT TATTGTGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020  
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080  
40 GAATTTTAAT AAATTTTTC TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCC TGTGCAGTAA1140  
ACTTT 1145

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```

15 GTTCCGACAT GCAGTGCGCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCGG 60
   AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
   CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180
   GGTTTTCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
   TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
   TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
   TAAATTTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480
   TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540
   TGGTTAACA GCTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAACCTCAT 600
   GATGAGAGGC TCTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
   GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25 ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
   CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
   TGCGCCAGT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
   CTTTGTGTCC TCATGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
   TTAATCAGTG GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCTTTC TGTATGATAC1020
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAAA AATATGATCC1080
   CATTAACTCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTTATGC GAGTTGCAAC1140
   TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
   TACATCAAA ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
   TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35 GCCTCAGGTC TGCCTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
   ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAACTA1440
   AAGTTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCAGTGA1500
   GTAACAAAA TTTAGCAAA CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
   TAATGTCATA AGTGATTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
40 TCTTTTGTG TTTTAAATAC TTAGAACTTA GCACTTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
   GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAACAAG TGGTCATTGG TTACATTTCAT CTGCTGAACT1740
   TAACAAAAC GGTTCATCC TGAACAGGG CACAGGTGAA TGCATTCTCT CTGCGGTTGG1800
   CTCCCAGTG GCCCGCCTC CCATATAGGA TGTGGG 1836
```

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```
15 TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
    TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
    ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
    CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
    ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
    GTTCTCTTGG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
    ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
    AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
    TGGTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
    CATGACCTCC TGAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
    ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
    GGCAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
    25 GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGA AATCCCTGAT 780
    CTGATTGAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
    CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
    TAACTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
    GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
    30 GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
    CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
    GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCTCTG TAAAAAAA1200
    AAAAAAAA AAAAAAAA 1220
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

```

5  CGCAGTGC GC AGGCGTGGG CTCTCTCCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGCG GGCTGGTGGC 60
   TCTGTGGCAG CGGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
   CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTCCTCATAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
   ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
   AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
   TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAACTTCG CTATGTTGCG AATTTGTTCC CGTATAAAGG 360
10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
   ACATACTGGC TGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
   ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
   AGGGGAAACC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
   TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTTGCGT TTAATGCAGA 720
   ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTAAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
   ATTAGTGACT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
   GAGCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
   CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTTCAT CTGGATGTAT1020
   TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TTAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
   AAATTCGTCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTTCAT1140
   ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCATATGC TTAAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG1200
   TCACTTGTTA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
25 GGAAATAAAA TTATTTTGCT GAACTTGGA AAAAAAAAAA AAA 1303

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

50

```

   CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
   TGGACGTGGA ATGGGCGGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTGATAG 120
   GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
55 TCACAACCTGG GGAACGTGCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
   AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
   TGAAGACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

```

```

AGAGGAGGGT CCAAAGAGA TGA CTTTGA TGAGTGAAG GCTATTC AAA ATAAGGACCG 420
GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGAAGAA 480
GGGATTTGTT CTTTATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540
CCATCATTTT CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
5 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720
AGAGGCATT CAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCTGGT TCCTTTGTGA 780
ACCCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTA AAAAA 840
AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900
10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTGTAT TTAGAAATGT 960
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTT AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT 1020
GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCAAT 1140
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTC ATATTCACAC 1200
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGAATACTA 1260
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTTAAATAT TTTTCAATTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC 1320
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380
GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCAT 1440
TGGGGTCCAA ATTATACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT 1500
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560
CGGGCCAG 1568

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

40

```

KQVKCAKVS LLFLFQYCAI DSCIKFVNAG SSWLSSVTLW SMSSVLSLAS NVGRVRIKSE 60
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL 120
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

```

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA  
MSLVLDEFYS SLRVVGVS AV LGTGLDELFV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60  
10 QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120  
HEEPAFQNFEM QESMAQYWKR NNK 143

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

30

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
35 T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVQGQAL60  
RDVGGLFVLH VDVQLQHLLPM PQLCQVLLD 89

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60  
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120  
25 ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180  
IPLDGHEADE IPEGLFTPDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240  
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNL R EEFIGFLPYE300  
ADAEILAVKF HTMITEKWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360  
SCALNMWLAK SVPVMGVSA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60  
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60  
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGR TL RRSRISRPT AKVAEIRDQK120  
20 ADKKRGEDED EEEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180  
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEEKESEE ILADDDEPCK KCGLPNHP EL ILLCDSCDSG240  
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKL LCE KLEEQLQDLD VALKKKERAE RRKERLVYVG300  
ISINIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKSKA NLLERRSTR RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360  
25 DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

45 SSEKSGSCGG MMFSILIPY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180  
VDSSSTSSSP SPLFLSAF 198

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGR L FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60  
VRNDCKVFRF CKSKCHKNF KKRNPVKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120  
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180  
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60  
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60  
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120  
YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPGGGPLTEA180  
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

35 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPRWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHL D ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35 GGXGXQLLXP XAXQGXPAAAS CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60  
MDLHGFPKEX GXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120  
40 WXRTYLR LGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFEL 160

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
45 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

5

RHXPLXLGXH GHRAHSLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60  
XEXMXXGFEE NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXMDH XXGFQXRQIR120  
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

30

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLTGMFAFF KMREMFEDH IDDAKYCGHL60  
YGLGSGSSYV QNGTGDAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

35

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

50

IKAKFNLNAF FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
5 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAKQGQM 60  
DAVRIMAKDL VTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKV TKAMGTMNRQ120  
LKLPIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMNDA IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180  
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

45 KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60  
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120  
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- 50 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15 KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60  
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120  
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180  
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

40 LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120  
SAHEALLKI 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
10 CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30 RVAPATVVGK RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMAVTERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

35

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV180  
QHKEKCNQ 188

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

25

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60  
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120  
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

30

(A) LÄNGE: 320 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFHVVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300  
CESACTVPTD VDKWEHHQKN 320

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60  
AEAASAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

40 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYS DL DQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSKSE EAAHEDSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
45 EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLPGRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLEFVRK 60  
VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNKVP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120  
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLEFS180  
FWNEPVPFRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVEP GLKIPVSPKM 60  
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120  
ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180  
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNFVVC F 208

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 35 5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.



9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10
11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20
13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25
14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30
15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35
16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40
17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45
18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50
19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 5 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 45 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

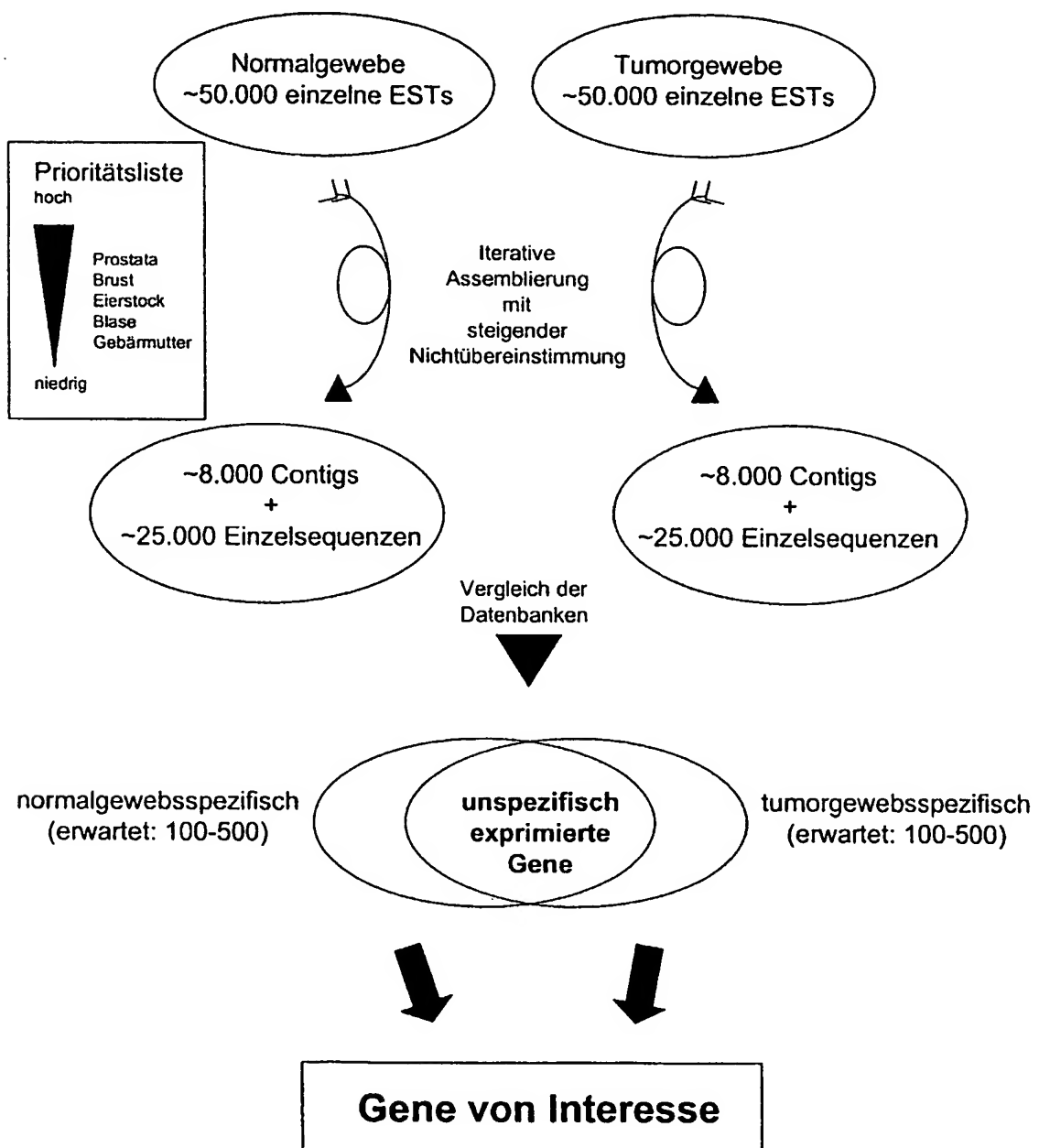


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

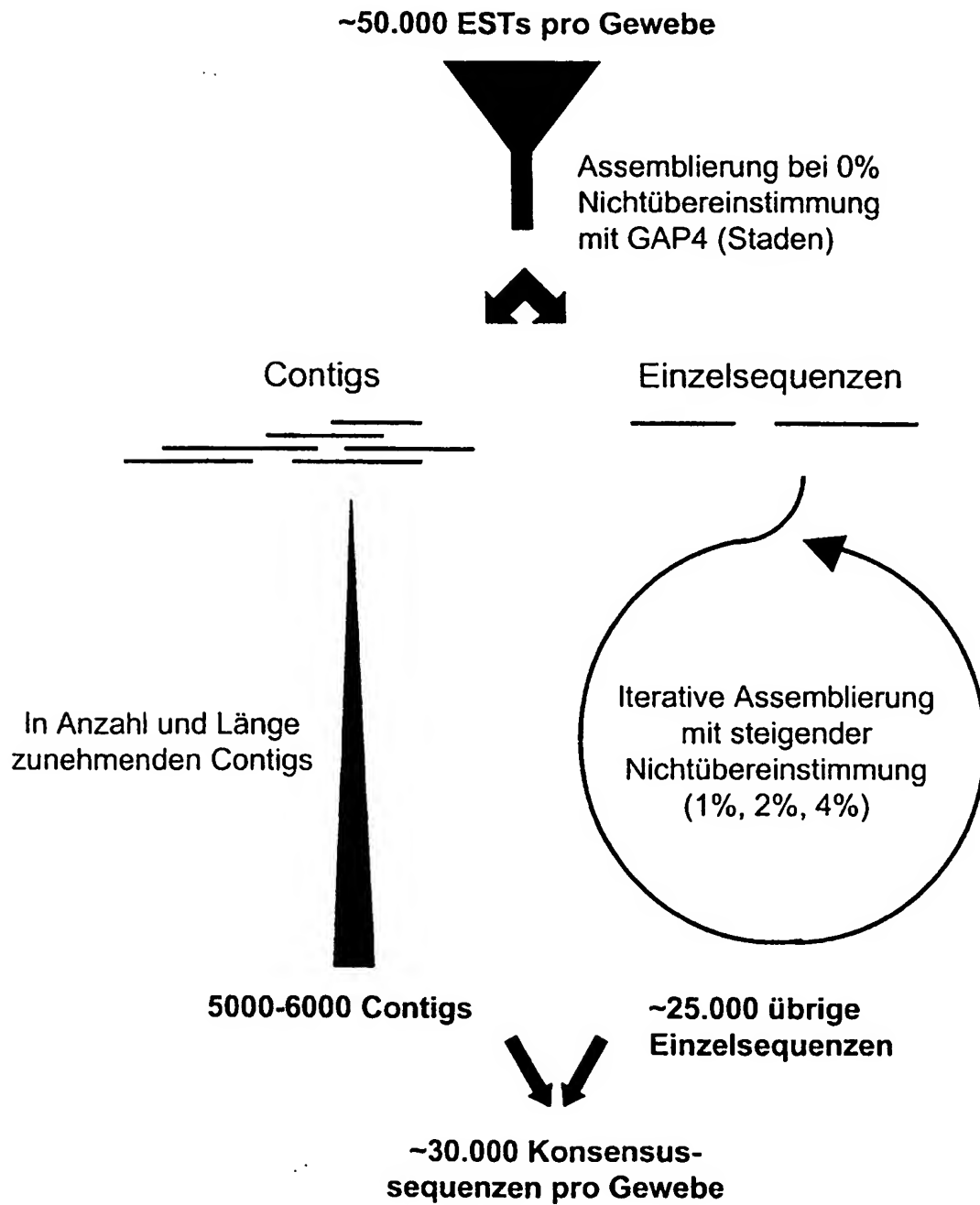


Fig. 2a

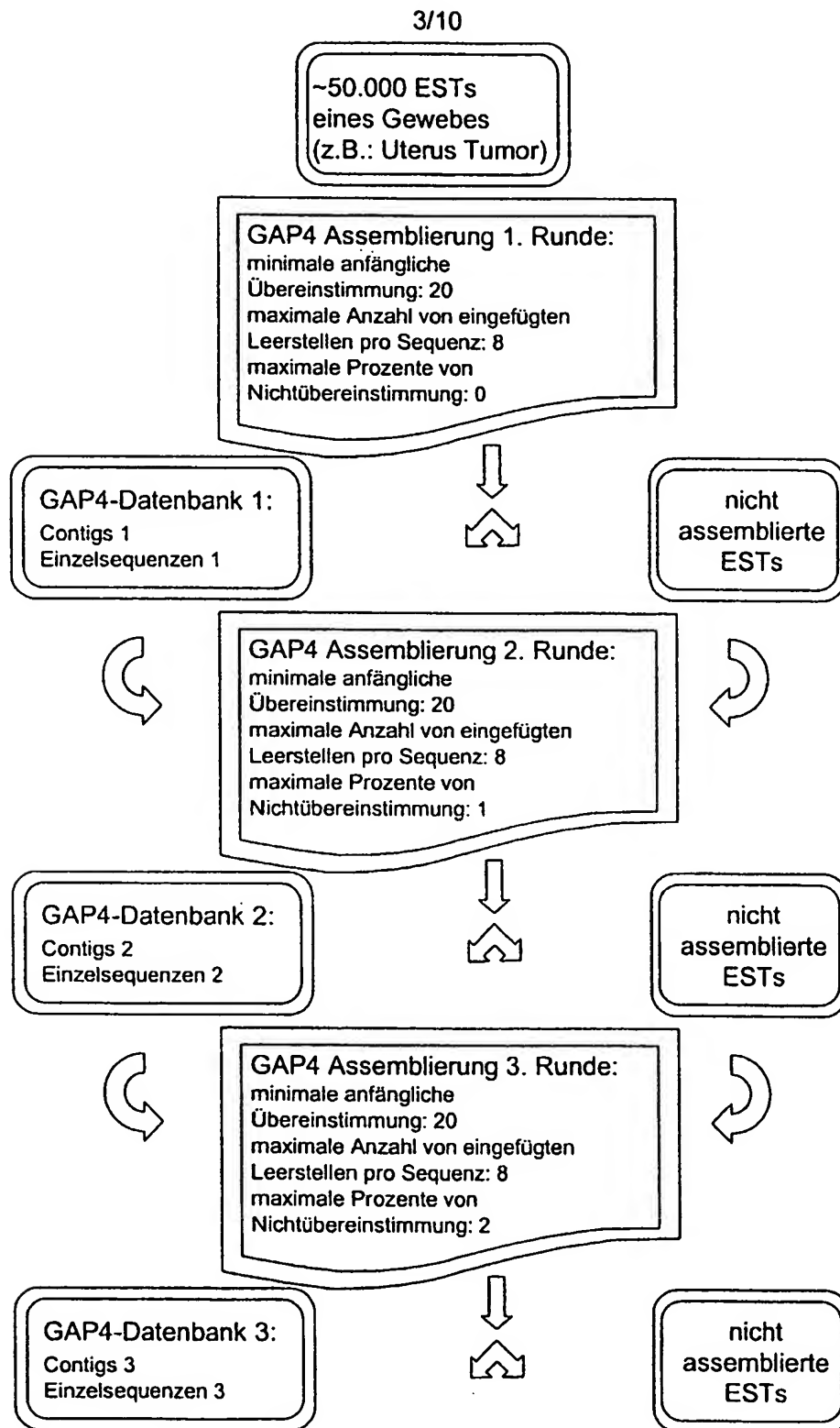


Fig. 2b1

4/10

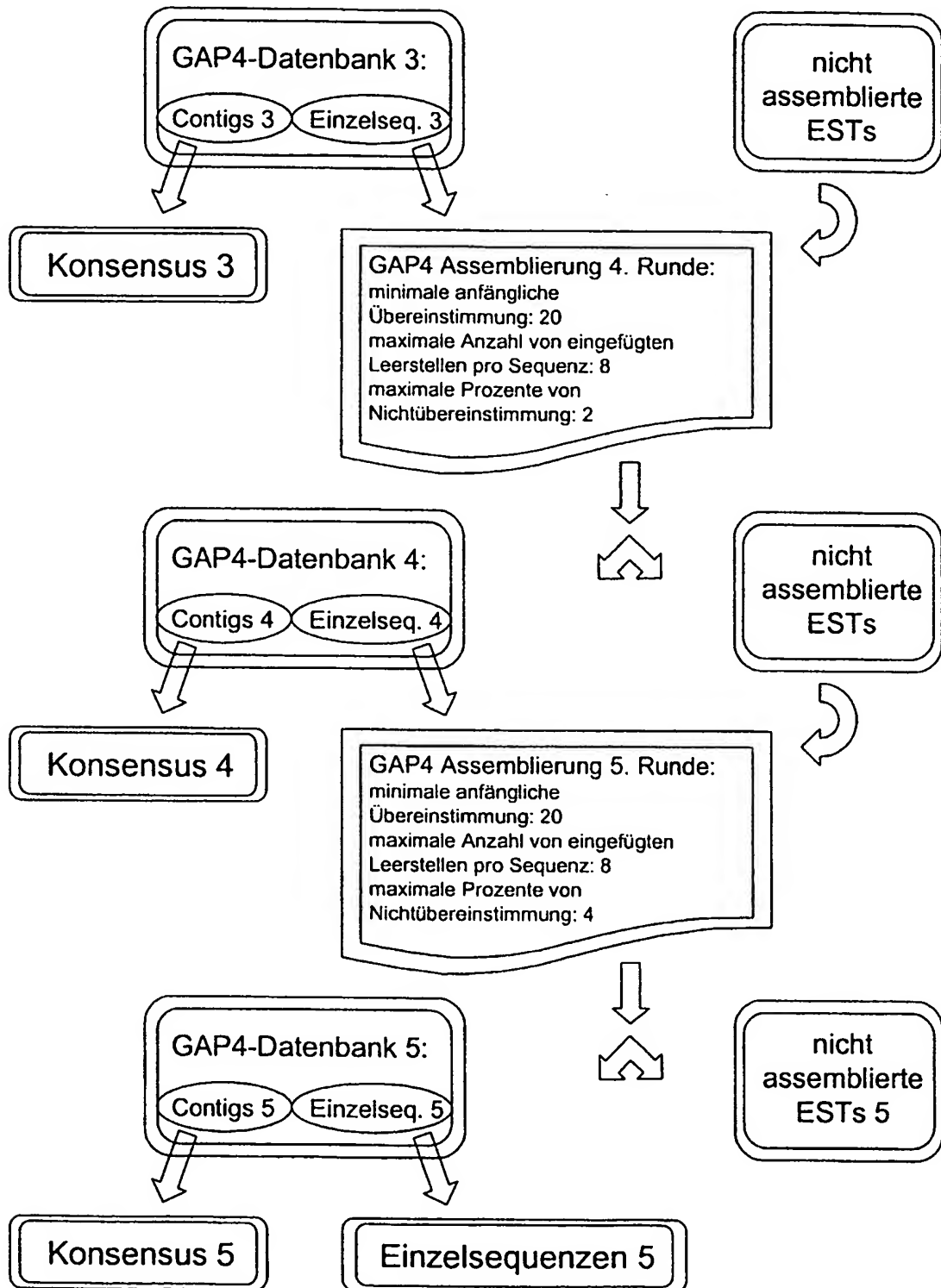


Fig. 2b2

5/10

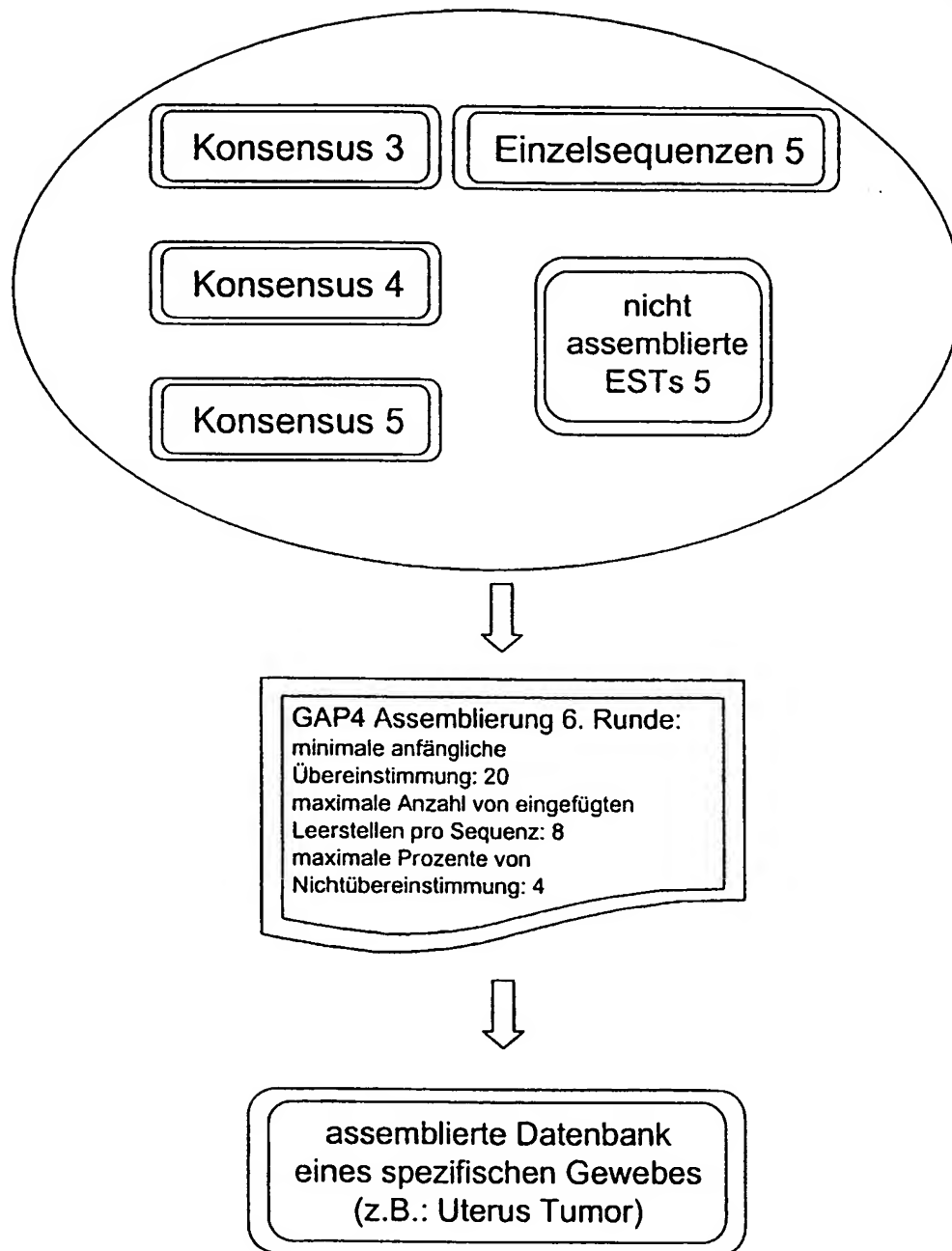


Fig. 2b3



6/10

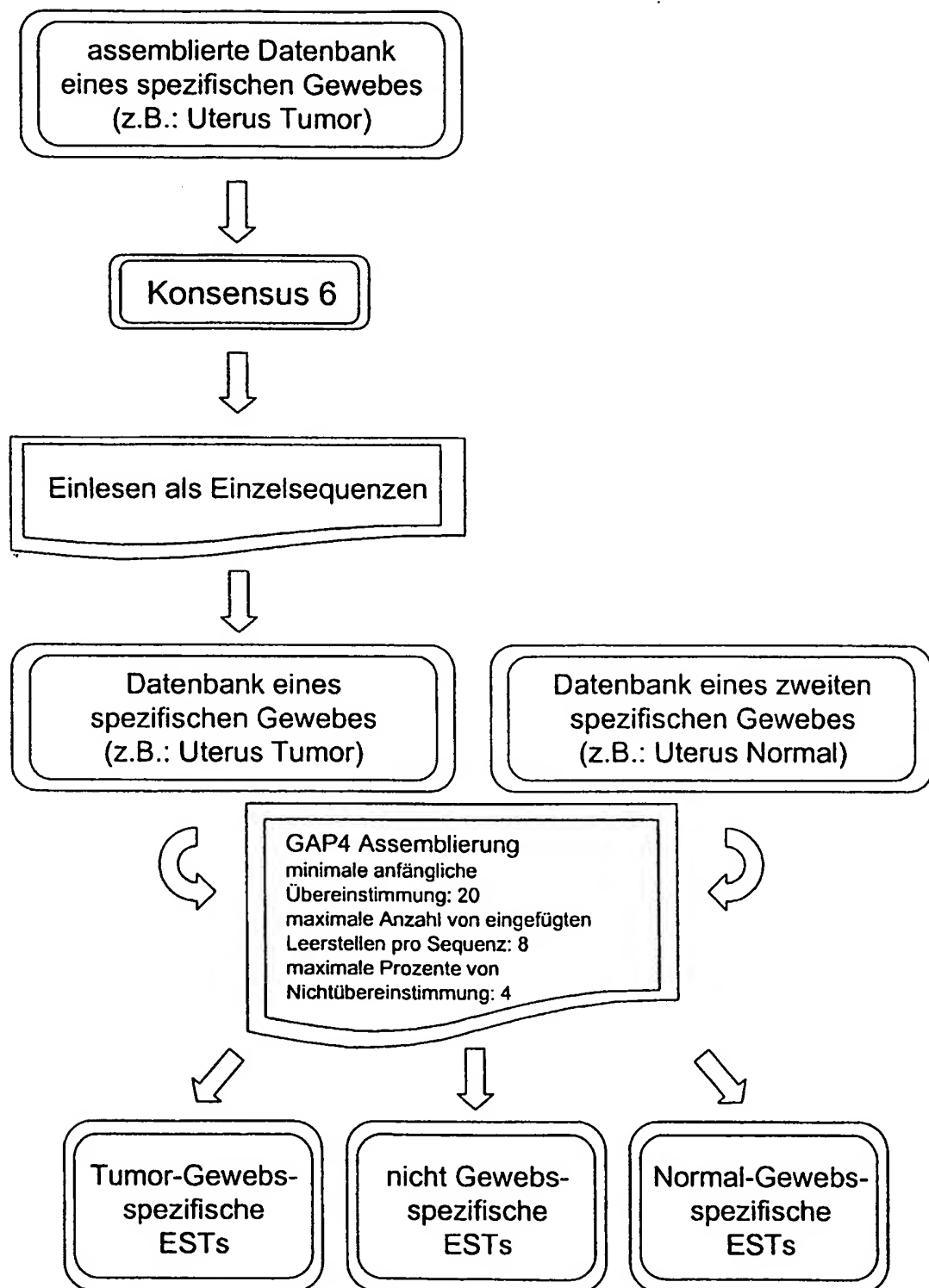


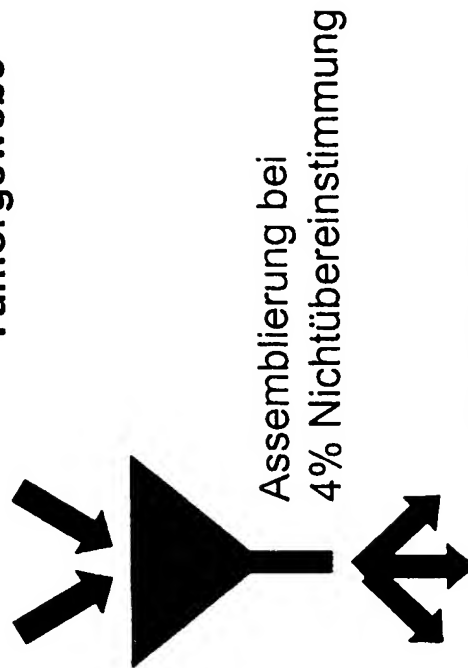
Fig. 2b4

7/10

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Tumorgewebe



Normalgewebe  
Spezifische Gene

Krebsgewebe  
Spezifische Gene

In beiden Geweben  
exprimierte Gene

Fig. 3

8/10

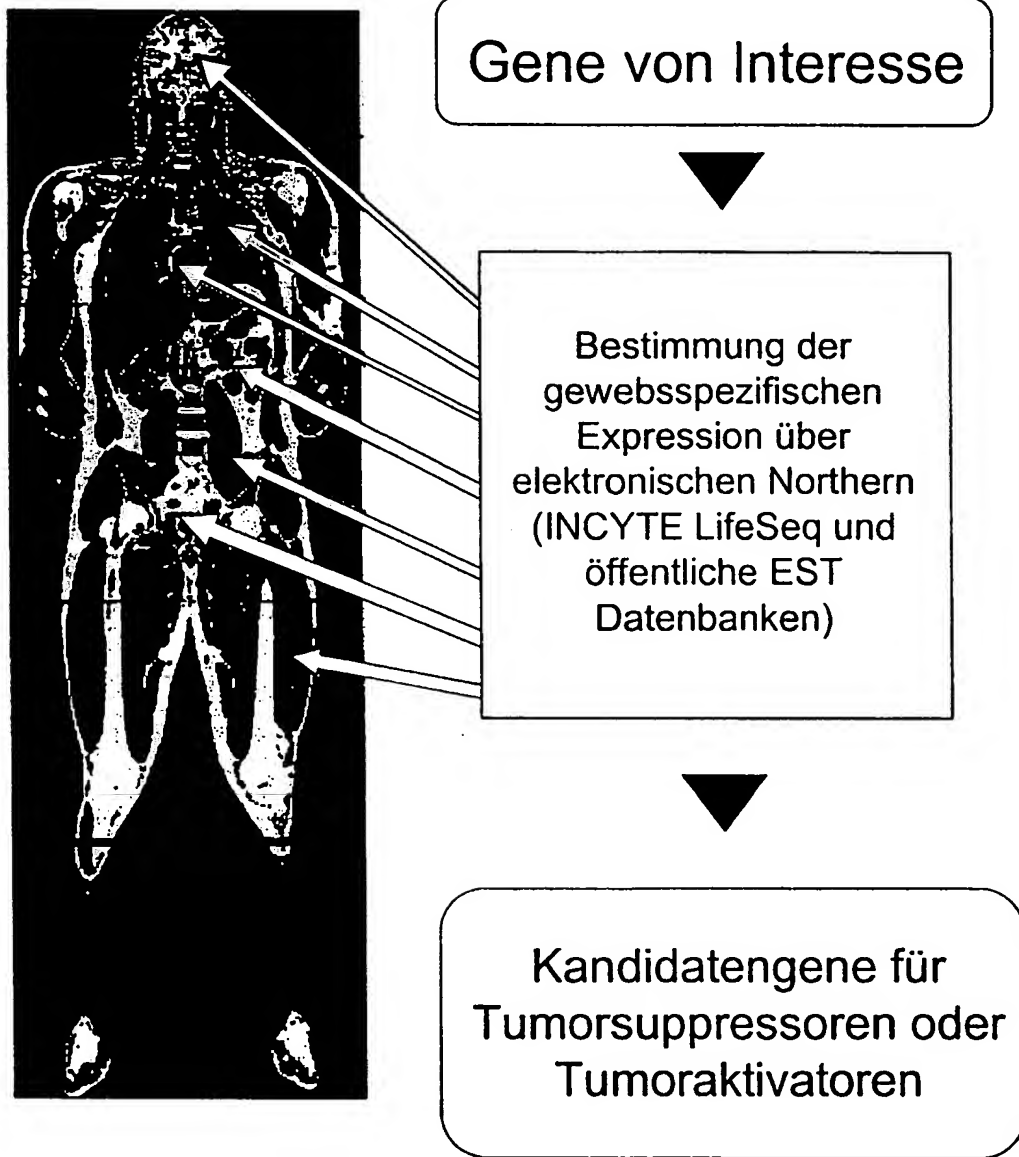


Fig. 4a

9/10

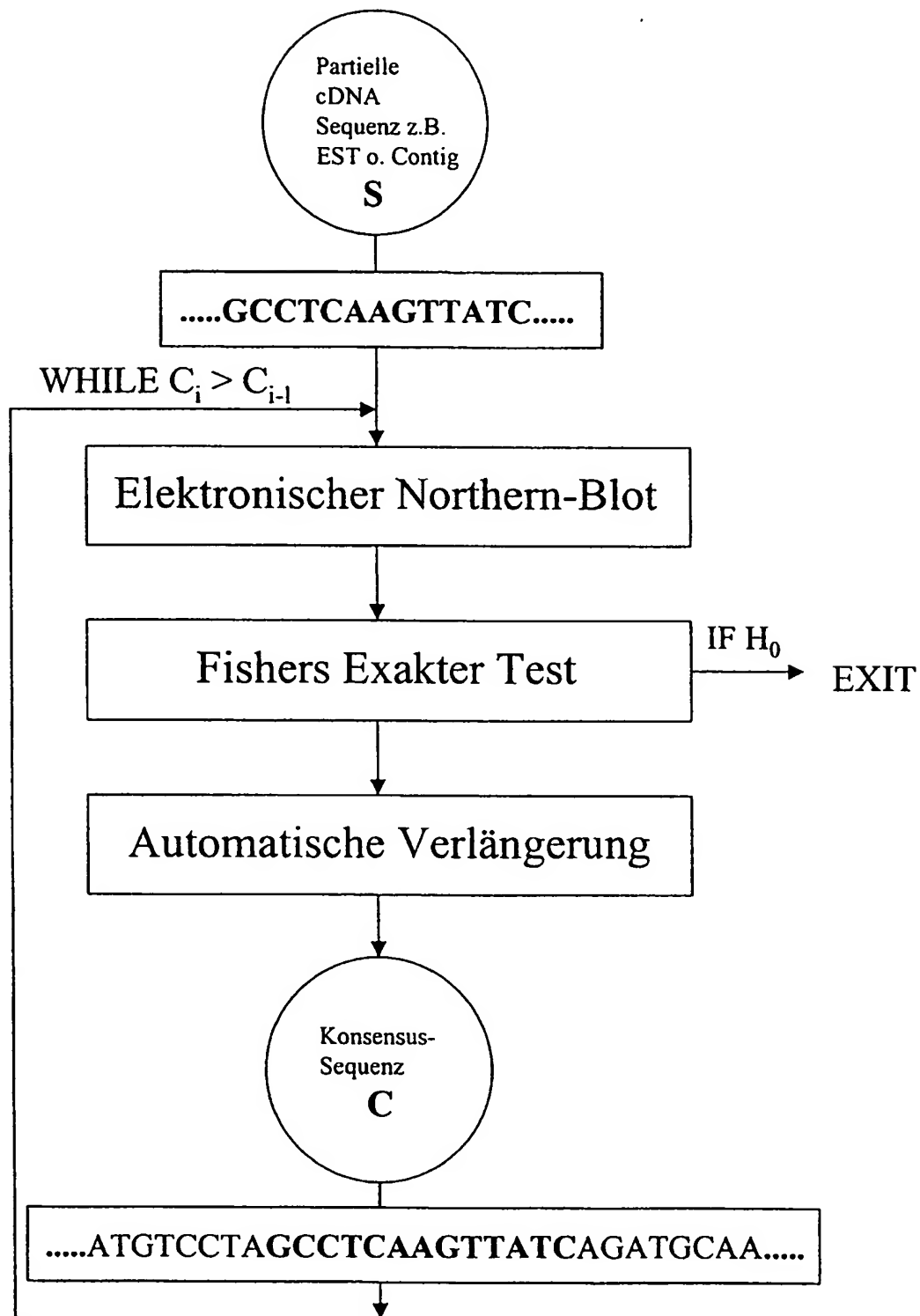


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



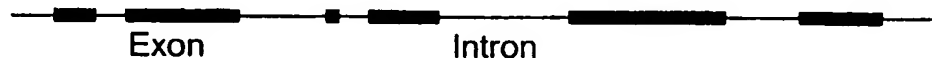
Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**